

**Untersuchungen zu parasitären und bakteriellen Infektionserregern
bei *Galliformes* und *Anseriformes* aus nicht-gewerblichen Haltungen**

von Caroline Heitz

Inaugural-Dissertation zur Erlangung der Doktorwürde
der Tierärztlichen Fakultät der Ludwig-Maximilians-Universität München

**Untersuchungen zu parasitären und bakteriellen Infektionserregern
bei *Galliformes* und *Anseriformes* aus nicht-gewerblichen Haltungen**

von Caroline Heitz

aus Luxemburg

München, 2018

Aus dem Zentrum für Klinische Tiermedizin der Tierärztlichen Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität München

Lehrstuhl für Aviäre Medizin und Chirurgie

Arbeit angefertigt unter der Leitung von
Univ.-Prof. Dr. Rüdiger T. Korbelt

Mitbetreuung durch:
Priv.-Doz. Dr. Monika Rinder
Dr. Susanne Thiel

**Gedruckt mit Genehmigung der Tierärztlichen Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität München**

Dekan: Univ.-Prof. Dr. Reinhard K. Straubinger, Ph. D.

Berichterstatter: Univ.-Prof. Dr. Rüdiger T. Korbel

Korreferent: Priv.-Doz. Dr. Elke Rauch

Tag der Promotion: 27. Juli 2018

Für meine Großeltern

INHALTSVERZEICHNIS

Abkürzungsverzeichnis

I. EINLEITUNG	1
II. LITERATURÜBERSICHT	2
2.1 Parasiten	2
2.1.1 Protozoen	2
2.1.2 Nematoden	4
2.1.2.1 <i>Heterakis</i> spp.	4
2.1.2.2 <i>Ascaridia</i> spp.	5
2.1.2.3 <i>Capillaria</i> spp.	6
2.1.2.4 <i>Syngamus trachea</i> , <i>Cyathostoma bronchialis</i>	6
2.1.2.5 <i>Amidostomum anseris</i>	8
2.1.2.6 Spirurida	8
2.1.3 Zestoden	10
2.2 Bakterien	12
2.2.1 Grampositive Bakterien der Ordnung Lactobacillales	12
2.2.1.1 Familie Lactobacillaceae	12
2.2.1.1.1 <i>Lactobacillus</i> spp.	12
2.2.1.2 Familie Streptococcaceae	12
2.2.1.2.1 <i>Streptococcus</i> spp.	12
2.2.1.2.2 <i>Lactococcus</i> spp.	13
2.2.1.3 Familie Enterococcaceae	14
2.2.1.3.1 <i>Enterococcus</i> spp.	14
2.2.1.3.2 <i>Vagococcus fluvialis</i>	15
2.2.1.4 Familie Aerococcaceae	15
2.2.1.4.1 <i>Aerococcus</i> spp.	15
2.2.1.5 Familie Leuconostaceae	15
2.2.1.5.1 <i>Leuconostoc</i> spp.	15
2.2.2 Grampositive Bakterien der Ordnung Bacillales	15
2.2.2.1 Familie Bacillaceae	15
2.2.2.1.1 <i>Bacillus</i> spp.	15
2.2.2.1.2 <i>Lysinibacillus</i> spp.	16
2.2.2.2 Familie Staphylococcaceae	17
2.2.2.2.1 <i>Staphylococcus</i> spp.	17
2.2.2.2.2 <i>Macrococcus caseolyticus</i>	18
2.2.2.3 Familie Paenibacillaceae	18
2.2.2.3.1 <i>Brevibacillus borstelensis</i>	18
2.2.2.4 Familie Planococcaceae	18
2.2.2.4.1 <i>Viridibacillus</i> spp.	18
2.2.2.4.2 <i>Solibacillus silvestris</i>	18

2.2.3 Andere grampositive Bakterien	19
2.2.3.1 Ordnung Clostridiales – Familie Clostridiaceae	19
2.2.3.1.1 <i>Clostridium</i> spp.	19
2.2.3.2 Ordnung Corynebacteriales – Familie Corynebacteriaceae	20
2.2.3.2.1 <i>Corynebacterium</i> spp.	20
2.2.3.3 Ordnung Micrococcales – Familie Micrococcaceae	20
2.2.3.3.1 <i>Micrococcus</i> spp.	20
2.2.3.3.2 <i>Arthrobacter</i> spp.	21
2.2.3.4 Ordnung Micrococcales – Familie Brevibacteriaceae	21
2.2.3.4.1 <i>Brevibacterium</i> spp.	21
2.2.3.5 Ordnung Propionibacteriales – Familie Propionibacteriaceae	21
2.2.3.5.1 <i>Propionibacterium acnes</i>	21
2.2.4 Gramnegative Stäbchenbakterien der Ordnung Enterobacteriales	22
2.2.4.1 Familie Enterobacteriaceae.....	22
2.2.4.1.1 <i>Escherichia coli</i>	22
2.2.4.1.2 <i>Salmonella</i> spp.	23
2.2.4.1.3 <i>Klebsiella</i> spp.	24
2.2.4.1.4 <i>Raoultella</i> spp.	25
2.2.4.1.5 <i>Enterobacter</i> spp.	25
2.2.4.1.6 <i>Cronobacter sakazakii</i>	25
2.2.4.1.7 <i>Citrobacter</i> spp.	26
2.2.4.1.8 <i>Leclercia adecarboxylata</i>	26
2.2.4.2 Familie Pasteurellaceae.....	26
2.2.4.2.1 <i>Pasteurella</i> spp.	26
2.2.4.2.2 <i>Gallibacterium</i> spp.....	27
2.2.4.3 Familie Morganellaceae	27
2.2.4.3.1 <i>Proteus</i> spp.	27
2.2.4.3.2 <i>Providencia</i> spp.	27
2.2.4.3.3 <i>Morganella morganii</i>	28
2.2.4.4 Familie Hafniaceae	28
2.2.4.4.1 <i>Hafnia alvei</i>	28
2.2.5 Andere gramnegative Bakterien	28
2.2.5.1 Ordnung Aeromonadales – Familie Aeromonadaceae	28
2.2.5.1.1 <i>Aeromonas</i> spp.	28
2.2.5.2 Ordnung Pseudomonadales – Familie Pseudomonaceae	29
2.2.5.2.1 <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	29
2.2.5.3 Ordnung Pseudomonadales – Familie Moraxellaceae	30
2.2.5.3.1 <i>Acinetobacter</i> spp.	30
2.2.5.3.2 <i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i>	30
2.2.5.4 Ordnung Flavobacteriales – Familie Flavobacteriaceae	30
2.2.5.4.1 <i>Wautersiella falsenii</i>	30
2.2.5.4.2 <i>Myroides</i> spp.	30
2.2.5.5 Ordnung Burkholderiales – Familie Alcaligenaceae	31
2.2.5.5.1 <i>Alcaligenes</i> spp.	31
2.2.5.6 Ordnung Sphingobacteriales – Familie Sphingobacteriaceae	31
2.2.5.6.1 <i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	31

2.3 Das MALDI-TOF.....	32
2.3.1 Die Massenspektrometrie.....	32
2.3.2 Das MALDI-TOF Verfahren.....	32
2.3.3 Einsatz in der Labordiagnostik	34
III. MATERIAL UND METHODEN	36
3.1 Material.....	36
3.1.1 Fragebogen	36
3.1.2 Herkunft und Anzahl der untersuchten Kotproben	38
3.1.3 Material für die parasitologische Untersuchung	39
3.1.3.1 Material für die Nativausstriche.....	39
3.1.3.2 Material für die Flotation	39
3.1.3.3 Herstellung der Zinksulfat-Lösung.....	39
3.1.4 Material für die bakteriologische Untersuchung	40
3.1.4.1 Aerobe und anaerobe Anzucht	40
3.1.4.1.1 Verwendete Nährböden.....	40
3.1.4.1.2 Verdünnungsreihe	40
3.1.4.2 Salmonellen-Anreicherung.....	41
3.1.4.2.1 Peptonwasser: Material & Herstellung	41
3.1.4.2.2 Rappaport-Vassiliadis Flüssigmedium: Material & Herstellung.....	42
3.1.4.2.3 MSRV-Nährboden: Material & Herstellung	42
3.1.4.2.4 Salmonellenanzucht	43
3.1.4.3 Differenzierung der Bakterienisolate mittels MALDI-TOF.....	43
3.1.4.3.1 System von Bruker Daltonik GmbH (Bremen, Deutschland)	43
3.1.4.3.2 Sonstiges.....	43
3.1.4.3.3 Matrix: Material & Herstellung	43
3.1.4.4 Weitere Differenzierung	44
3.1.4.4.1 Subkulturen	44
3.1.4.4.2 Enzymverhalten	44
3.1.4.4.3 Gram-Färbungen: Material.....	44
3.1.4.4.4 Differenzierung mittels API-Testsystemen	45
3.1.4.5 Sonstiges	46
3.1.4.5.1 Herstellung Natriumchlorid-Lösung 9 %.....	46
3.2 Methoden	48
3.2.1 Parasitologische Untersuchungsverfahren	48
3.2.1.1 Makroskopische Beurteilung.....	48
3.2.1.2 Mikroskopische Beurteilung.....	48
3.2.1.2.1 Nativpräparate	48
3.2.1.2.2 Flotationsverfahren	48
3.2.1.2.3 Bewertungsschlüssel	49
3.2.2 Bakteriologische Untersuchungsverfahren.....	50
3.2.2.1 Anfertigung einer Verdünnungsreihe	50
3.2.2.2 Aerobe und anaerobe Anzucht	50
3.2.2.3 Salmonellenanzucht	51

3.2.3 Differenzierung der Bakterien mit Hilfe des MALDI-TOF	52
3.2.3.1 Matrixlösung	52
3.2.3.2 Durchführung	52
3.2.3.3 Technische Vorbereitung	52
3.2.3.4 Auswertung	53
3.2.3.5 Interpretation der Ergebnisse	53
3.2.4 Weitere Differenzierung	55
3.2.4.1 Anfertigen von Subkulturen	55
3.2.4.2 Weitere Tests	55
3.2.4.2.1 Katalase-Test	55
3.2.4.2.2 Oxidase-Test	55
3.2.4.2.3 Kalilaugen-Test	56
3.2.4.3 Anfertigen von Grampräparaten.....	56
3.2.4.4 Differenzierung mittels API®-Testsystemen.....	56
3.2.4.4.1 API Staph	56
3.2.4.4.2 API Rapid ID 32 Strep.....	57
3.2.4.4.3 API Coryne	57
3.2.4.4.4 API 20 NE	58
3.2.4.4.5 API 20 E.....	58
3.2.4.4.6 API 50 CHE/B	59
IV. ERGEBNISSE	60
4.1 Ergebnisse der Auswertung der Fragebögen	60
4.1.1 Teilnehmer.....	60
4.1.2 Studentiere	60
4.1.2.1 Tierarten.....	60
4.1.2.2 Studentieranzahl	61
4.1.3 Verfügbares Platzangebot für Studentiere	62
4.1.3.1 Verfügbare Stallflächen.....	62
4.1.3.2 Verfügbare Weideflächen	62
4.1.4 Einsatz von einigen Arzneimitteln.....	63
4.1.4.1 Relative Häufigkeiten der Anwendung von Arzneimitteln	63
4.1.4.2 Relative Häufigkeiten der angewendeten Arzneimittel nach Tiergruppen	63
4.1.5 Vorliegen der abgefragten Symptome.....	64
4.1.6 Vorliegen der abgefragten Erkrankungen.....	64
4.1.7 Anzahl der verwendeten Futtermittel	65
4.2 Ergebnisse der parasitologischen Untersuchungen	66
4.2.1 Anzahl durchgeführter parasitologischer Untersuchungen.....	66
4.2.2 Makroskopische Beurteilung des Kots.....	66
4.2.3 Nachgewiesene Endoparasitengruppen	67
4.2.3.1 Relative Häufigkeiten aller diagnostizierter Endoparasitengruppen	67
4.2.3.2 Anzahl diagnostizierter Erregergruppen je Kotprobe	67
4.2.3.3 Relative Häufigkeiten diagnostizierter Endoparasitengruppen nach Geflügelgruppen aufgetrennt	68

4.2.3.4	Relative Häufigkeiten diagnostizierter Endoparasitengruppen aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern	70
4.2.3.5	Befallsintensitäten der diagnostizierten Endoparasitengruppen.....	71
4.2.3.5.1	Befallsintensitäten von <i>Capillaria</i> sp., <i>Heterakis</i> sp. und Coccidia aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern	72
4.2.4	Einfluss von Kovariablen	73
4.2.4.1	Endoparasiten in Kotproben bei Einsatz von pharmazeutischen Stoffen	73
4.2.4.2	Anzahl nachgewiesener Endoparasitengruppen bei Beständen mit vorliegenden Symptomen.....	74
4.2.4.3	Anzahl nachgewiesener Endoparasitengruppen bei Beständen mit vorliegenden Erkrankungen	75
4.2.4.4	Einfluss von Futtermitteln auf die parasitäre Befallsintensität.....	76
4.3	Ergebnisse der bakteriologischen Untersuchungen	77
4.3.1	Anzahl durchgeführter bakteriologischer Untersuchungen	77
4.3.2	Anzahl differenzierter Bakteriengattungen und -spezies	77
4.3.2.1	Relative Häufigkeiten der 11 am häufigsten isolierten Bakterien.....	78
4.3.2.2	Die 11 am häufigsten isolierten Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen....	78
4.3.3	Vorkommen von potentiell geflügelpathogenen Bakterien	81
4.3.3.1	Relative Häufigkeiten einiger potentiell geflügelpathogener Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen.....	81
4.3.3.2	Relative Häufigkeiten einiger potentiell geflügelpathogener Bakterien aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern	83
4.3.4	Vorkommen von potentiell humanpathogenen Bakterien.....	85
4.3.4.1	Relative Häufigkeiten einiger potentiell humanpathogener Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen.....	85
4.3.4.2	Relative Häufigkeiten einiger potentiell humanpathogener Bakterien aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern	87
4.3.5	Einfluss von Kovariablen	89
4.3.5.1	Vorkommen ausgewählter Bakterien bei Beständen mit Einsatz von Arzneimitteln	89
4.3.5.2	Vorkommen ausgewählter Bakterien bei Beständen mit vorliegenden Symptomen.....	90
4.3.5.3	Vorkommen ausgewählter Bakterien bei Beständen mit vorliegenden Erkrankungen	92
4.3.5.4	Einfluss von Futtermitteln auf ausgewählte Bakterien	93
4.3.5.5	Vorkommen ausgewählter Bakterien bei Beständen mit Zugang zu Gewässer	95
4.3.6	Salmonellen-Anreicherungen	96
4.3.6.1	MSRV-Agar	96
4.3.6.2	Selektivnährboden	96
4.4	Parasitäre und bakterielle Koinfektionen	97
4.4.1	Gemeinsames Vorkommen von Enterokokken und Endoparasiten	97
4.4.2	Gemeinsames Vorkommen von Staphylo- und Mikrokokken mit Endoparasiten ..	98

4.4.3 Gemeinsames Vorkommen von Clostridien und den Gattungen <i>Streptococcus</i> und <i>Corynebacterium</i> mit Endoparasiten.....	99
4.4.4 Gemeinsames Vorkommen von Bazillen und Laktobazillen mit Endoparasiten...	100
4.4.5 Gemeinsames Vorkommen einiger Enterobacteriaceae mit Endoparasiten.....	101
V. DISKUSSION	103
5.1 Parasiten	104
5.1.1 Prävalenzen	104
5.1.2 Vergleich der Prävalenzen bei Haltungen von Hobbyhaltern und Züchtern	106
5.1.3 Einfluss von Kovariablen	107
5.1.3.1 Vorbehandlungen.....	107
5.1.3.2 Futtermittel	107
5.2 Bakterien.....	107
5.2.1 Prävalenzen	107
5.2.2 Vergleich der Prävalenzen bei Haltungen von Hobbyhaltern und Züchtern	109
5.2.3 Gattungen <i>Enterococcus</i> und <i>Staphylococcus</i>	109
5.2.3.1 Gattung <i>Enterococcus</i>	109
5.2.3.2 Gattung <i>Staphylococcus</i>	111
5.2.4 Einfluss von Kovariablen	112
5.2.4.1 Vorbehandlungen.....	112
5.2.4.2 Symptome und Erkrankungen.....	113
5.2.4.3 Futtermittel	114
5.2.5 Gattung <i>Salmonella</i>	115
5.3 Koinfektionen	116
5.4 Schlussfolgerungen.....	118
VI. ZUSAMMENFASSUNG.....	119
VII. SUMMARY	121
VIII. RÉSUMÉ	123
IX. ZESUMMEFAASSUNG	125
X. LITERATURVERZEICHNIS	127
XI. ANHANG	149
11.1 Material.....	149
11.1.1 Zusammensetzung der Nährböden	149
11.1.2 Zusammensetzung der Flüssigmedien.....	151
11.2 Ergebnistabellen	152
11.2.1 Ergebnisse der Fragebögen.....	152
11.2.2 Ergebnisse der parasitologischen Untersuchungen.....	153
11.2.3 Ergebnisse der bakteriologischen Untersuchungen	156

XII. Abbildungsverzeichnis	177
XIII. Tabellenverzeichnis	179
XIV. Danksagung	180

Abkürzungsverzeichnis

°C	= Grad Celcius
API	= Analytischer Profil Index
Aqua Bi-Dest	= zweifach destilliertes Wasser
ca.	= lat. <i>circa</i> ; ungefähr
cm	= Zentimeter
CNA-Agar	= engl. Colistin-Nalidixic-Acid-Agar; Colistin-Nalidixinsäure-Agar
CO ₂	= Kohlenstoffdioxid
EMB-Agar	= Eosin-Metylen-Blau-Agar
Fc	= engl. crystallisable fragment; kristallisierbares Fragment
<i>h</i>	= Planksche Wirkungsquantum
H ₂ S	= Schwefelwasserstoff
HTML-File	= Hypertext Markup Language-File
KAA-Agar	= Kanamycin-Äsculin-Azid-Agar
kDa	= Kilodalton
KGW	= Körpergewicht
KNS	= Koagulase-negative Staphylokokken
l	= Liter
MALDI-TOF MS	= engl. matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry; Matrix-unterstützte Laser-Desorptions-/Ionisations-Flugzeit-Massenspektrometrie
mbar	= Millibar
ml	= Milliliter
mm	= Millimeter
MSRV-Nährboden	= Modified semisolid Rappaport-Vassiliadis Nährboden; modifizierter halbfester Rappaport-Vassiliadis Nährboden
nm	= Nanometer
OMP	= engl. outer membrane protein; äußere Membranproteine
OSCM	= Oxoid-Salmonella-Chromogenic-Medium
p.i.	= lat. <i>post infectionem</i> ; nach einer Infektion
PC	= Personal Computer
qm	= Quadratmeter
RV-Medium	= Rappaport-Vassiliadis Medium
s	= Sekunde
SAB-Agar	= Sabouraud-Dextrose-Agar
sp./spp.	= species singular/ species plural
ssp.	= subspecies
v	= Frequenz
VE-Wasser	= Vollentsalztes Wasser
VRE	= Vancomycin-resistente Enterokokken
XLD-Agar	= Xylose-Lysine-Desoxycholate-Agar
ZNS	= Zentrales Nervensystem
µm	= Mikrometer

I. EINLEITUNG

In Deutschland erfreut sich die Haltung von Hühnern mit eigener Verwertung der gelegten Eier wachsender Beliebtheit. Erste Plattformen zur zeitlich begrenzten Hühnerhaltung durch das Mieten eines mobilen Hühnerstalls inklusive deren Bewohner, finden regen Zulauf.

Ebenso stellen Rassegeflügelzuchtvereine eine Anlaufstelle für Halter zahlreicher verschiedener Geflügelarten dar. So verzeichnet der Verband Bayerischer Rassegeflügelzüchter Anfang des Jahres 2018 über 600 Vereine. Dabei spielt auch die Arterhaltung der annähernd 1000 verschiedenen Rassen eine Rolle (VERBAND BAYERISCHER RASSEGEFLÜGELZÜCHTER E. V., 2018).

Da in kommerziellen Geflügelhaltungen immer wieder Lebensmittelskandale in den Schlagzeilen auftauchen, wie beispielsweise der sogenannte Fipronil-Skandal im Sommer 2017, steigt die Verunsicherung der Konsumenten. Auch Infektionskrankheiten, wie die Aviäre Influenza werden in regelmäßigen Abständen in den Medien thematisiert. Dadurch werden auch Bedenken über den Gesundheitsstatus der eigenen Tiere befeuert sowie über die Unbedenklichkeit des Konsums derer erzeugten Produkte.

Hobbygeflügelhaltungen werden immer wieder verantwortlich gemacht für infektiöse Krankheitsausbrüche in kommerziellen Haltungssystemen durch Eintrag der Erreger in diese Nutztierställe. So sollen nicht-kommerzielle Bestände ein Reservoir für bestimmte Krankheitserreger darstellen. Zoonotische Erreger, wie Salmonellen, werden in kommerziellen Haltungen gesetzlich streng überwacht und gelten dagegen in Hobbyhaltungen als weit verbreitet.

Allerdings gibt es abgesehen von einigen Studien zum Vorkommen von Endoparasiten sowie zur Prävalenzerfassung von einzelnen bakteriellen Infektionserregern, insbesondere solche mit zoonotischem Potenzial, darüber hinaus wenig wissenschaftliche Arbeiten sowie genaue Kenntnisse zu diesen Themen bei nicht-kommerziellen Geflügelhaltungen. Zudem gibt es derzeit im gesamten Geflügelbereich noch wenig Wissen zum gleichzeitigen Vorkommen von parasitären und bakteriellen Infektionserregern und deren gegenseitiger Beeinflussung.

Diese Studie hatte daher zum Ziel, die Prävalenzen von parasitären und bakteriellen Infektionserregern in Hobbyhaltungen und nicht-kommerziellen Zuchthaltungen von Zier- und Rassegeflügel zu erfassen. Ebenso sollten mögliche Koinfektionen ermittelt werden und gegebenenfalls Rückschlüsse auf ein potentiell Infektionsrisiko für benachbarte kommerzielle Geflügelbestände gewonnen werden.

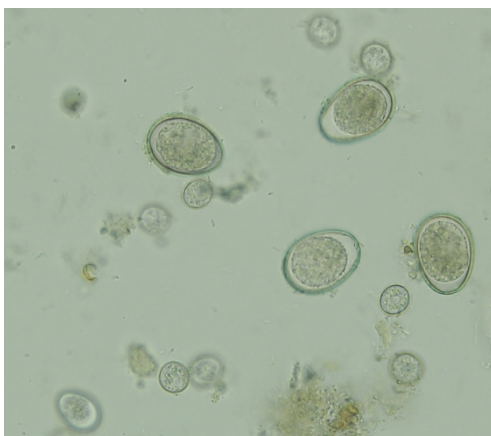
II. LITERATURÜBERSICHT

2.1 Parasiten

Die angeführten Wirkstoffe müssen vor ihrem therapeutischen Einsatz auf ihre jeweiligen Zulassungsbedingungen für die einzelnen Länder und für die entsprechenden Tierarten überprüft werden.

2.1.1 Protozoen

Unter den Protozoen spielen beim Geflügel die Kokzidien mit Abstand die größte Rolle, wobei Histomonaden bei Pute und Huhn auch an Bedeutung zunehmen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).



Kokzidien gehören zum Stamm der Apicomplexa und sind streng wirtsspezifisch. Bei Hühnern und Puten parasitieren als bedeutendste Gattung *Eimeria* spp., bei Enten und Gänsen hingegen besitzt zusätzlich zu der Gattung *Eimeria* noch *Tyzzeria* große Relevanz (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Beim Huhn sind aktuell sieben Arten von *Eimeria* als valide anerkannt, die weltweit vorkommen (DEPLAZES et al., 2012), jedoch wird die Existenz drei weiterer Arten, die bisher nur in der südlichen Hemisphäre nachgewiesen wurden, diskutiert (JESS A. T. MORGAN und GODWIN, 2017).

Abbildung 1: Kokzidienoozysten (400 x vergrößert)

Das Wirtstier infiziert sich mit Kokzidien durch orale Aufnahme der sporulierten Oozysten. Nach der Magenpassage exzystiert die Oozyste (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Die Anzahl der darin enthaltenen Sporozysten sowie der Sporozoiten, variiert je nach Gattung. So besitzen sporulierte Oozysten der Gattung *Eimeria* vier Sporozysten mit je zwei Sporozoiten, die der Gattung *Tyzzeria* hingegen gar keine Sporozysten, sondern nur acht freie Sporozoiten (SALISCH und SIEGMANN, 2012; SCHMÄSCHKE, 2015). Die Sporozoiten dringen nach Verlassen der Oozyste in die Schleimhaut des Darms ein, wobei speziesabhängig unterschiedliche Darmabschnitte besiedelt werden und unterschiedlich viele Schizogonien erfolgen. Diese ungeschlechtliche Vermehrung, meistens in drei- bis vier Generationen stattfindend, induziert eine speziesspezifische humorale und zelluläre Immunität. Anschließend erfolgt die Gamogonie mit Bildung der weiblichen Makrogameten und der männlichen Mikrogameten mit darauffolgender Befruchtung. Dabei entstehen Oozysten, die als widerstandsfähige Dauerstadien unsporuliert in die Umwelt ausgeschieden werden (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014) und bei günstigen, feuchtwarmen Bedingungen bis zu einem Jahr lang infektiös bleiben (BECK und PANTCHEV, 2014). In der Außenwelt sporulieren die Oozysten unter günstigen Bedingungen in 2-3 Tagen (EDGAR, 1955). Durch die im Anschluss stattfindende Aufnahme der Oozysten durch einen Wirt schließt sich der Entwicklungszyklus der Kokzidien (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Die Präpatenz ist bei allen Arten mit 4-6 Tagen sehr kurz (DEPLAZES et al., 2012).

Die Symptome einer klinisch apparenten intestinalen Kokzidiose sind Folgen einer katarrhalischen bis hämorrhagischen Enteritis oder einer Malabsorption. Krankheitserscheinungen sind abhängig vom Alter der Tiere, deren Immunitätsstatus und der infizierenden Spezies. Ebenso von Bedeutung für die Symptomausprägung sind die betroffene Darmregion sowie die Eindringtiefe dieser Infektionserreger in die Darmmukosa, wie auch die Anzahl der aufgenommenen Oozysten. Häufig liegen Mischinfektionen vor. Klinisch treten Leistungsrückgang, allgemeine Abgeschlagenheit, gesträubtes Gefieder, Blässe, geschlossene Augen, ein aufgekrümmter Rücken wie auch eine katarrhalische-hämorrhagische Diarrhoe und unter Umständen eine erhöhte Mortalität auf. Bei Wassergeflügel kann eine Infektion mit *Eimeria (E.) truncata* zu hochgradigen Nephritiden führen (GAJADHAR et al., 1983; GOMIS et al., 1996; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Zum Nachweis einer Kokzidieninfektion am lebenden Tier eignen sich Kotproben, die mittels Flotationsmethode untersucht werden können (SCHMÄSCHKE, 2015). Eine eindeutige Artdiagnose ist jedoch anhand der Oozystenmorphologie im frischen Kot alleine meist nicht möglich. Für die Differenzierung der Eimeriaspezies des Huhnes anhand sporulierter Oozysten wurde eine Computersoftware (GRUBER et al., 2007) entwickelt. Eine weitere diagnostische Möglichkeit am lebenden Tier mittels Kotprobenuntersuchung liefert die Polymerasekettenreaktion. Diese erlaubt ebenfalls eine Artdiagnose, auch bei gemeinsamen Vorhandensein mehrerer Spezies innerhalb einer Probe (J. A. T. MORGAN et al., 2009).

Bei der Sektion sind anhand der Lokalisation der pathologischen Veränderungen in Kombination mit der Morphologie der Parasitenstadien einzelne Arten identifizierbar. Unterscheidbar sind die bei den Hühnern auftretenden großen Oozysten von *E. maxima* und *E. brunetti* von den im Gegenzug kleinsten, fast runden Oozysten der Spezies *E. mitis*, einer wenig pathogenen Art. *E. maxima* verursacht überwiegend Läsionen im Dünndarm, wohingegen die pathologischen Veränderungen von *E. brunetti* im Enddarm sichtbar sind. Beim Huhn sind aufgrund ihrer starken Pathogenität die Spezies *E. necatrix* und *E. tenella* von größter Bedeutung. Erstere verursacht starke Läsionen im Dünndarm und Letztere im Blinddarm. Die Oozysten von *E. necatrix* sind 13-23 x 11-18 µm groß, länglich-oval, wohingegen die von *E. tenella* ovaler sind, bei einer Größe von 19-26 x 16-23 µm. Insgesamt sind die Kokzidienoozysten des Huhnes, abgesehen derer von *E. mitis* von mehr oder weniger ovaler Form.

Die bei Ente und Gans vorkommenden Oozysten sind hingegen von variablerer Form. So stellen sich die Oozysten von *E. anseris* birnenförmig, gelegentlich auch asymmetrisch dar, wohingegen die von *E. truncata* eine ovale Form mit einem abgestutzten Pol, einer Polkappe sowie einer rauen Oberfläche bei einer Länge von 11-23 µm und einer Breite von 11-16 µm aufweisen (SCHMÄSCHKE, 2015).

Ein optimales Betriebshygienemanagement ist eine unbedingte Voraussetzung für eine wirkungsvolle Bekämpfung der Kokzidiosen des Nutzgeflügels. Eine Reduktion der Befallsstärke bei gleichzeitiger Verringerung klinischer Erscheinungen ist durch Gabe von Antikokzidiostatika als Futtermittelzusatzstoff möglich, wobei auf Maßnahmen zur Reduzierung einer Resistenzbildung, entsprechende Wartezeiten und speziesspezifische Unverträglichkeiten bei zusätzlich notwendiger, medikamentöser Therapie, geachtet werden muss (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Bei Hühnern ist auch durch eine Impfung eine Prophylaxe mit Verhinderung der Entwicklung von Krankheitserscheinungen möglich (PEEK und LANDMAN, 2011; DEPLAZES et al., 2012). In Deutschland stehen zurzeit sechs zugelassene Impfstoffe für Masthühner und Junghennen zur Verfügung (PAUL-EHRLICH-

INSTITUT - BUNDESINSTITUT FÜR IMPFSTOFFE UND BIOMEDIZINISCHE ARZNEIMITTEL). Die Gabe von Multivitaminpräparaten während und nach der Behandlung akuter Kokzidiosen, hat sich als therapieflankierende Maßnahme bewährt (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

2.1.2 Nematoden

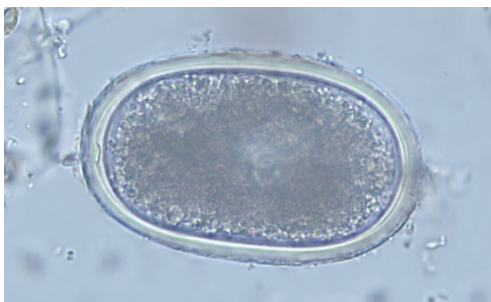
2.1.2.1 *Heterakis* spp.

Die Heterakiose des Geflügels wird verursacht durch die Gattung *Heterakis*, wobei die Spezies *Heterakis* (*H.*) *gallinarum*, überwiegend auftretend bei Hühnervögeln, *H. dispar* als Parasit bei den *Anseriformes* (Gänsevögel) und *H. isolonche* bei Fasanen parasitierend, unterschieden werden. *Heterakis*-Eier können zudem den Erreger der Typhlohepatitis, der sogenannten Schwarzkopfkrankheit der Truthühner beherbergen, deren Erreger *Histomonas meleagridis* ist (DEPLAZES et al., 2012; BECK und PANTCHEV, 2014; SCHMÄSCHKE, 2015). Die Histomonaden entwickeln sich in den Blinddarmwürmern weiter, so dass diese funktionell als echte Zwischenwirte anzusehen sind (S. CLARK und KIMMINAU, 2017). Insbesondere bei adulten Puten stellt eine Infektion mit *H. gallinarum* bei darin enthaltenen Histomonaden ein Risiko für den Ausbruch der Schwarzkopfkrankheit dar (LUND und CHUTE, 1970).

Die weiblichen Würmer von *H. gallinarum* erreichen eine Länge von 9-15 mm, die Männchen werden 6-13 mm lang. Diese Würmer sind weltweit bei Hühnervögeln verbreitet und parasitieren vor allem in den Blinddärmen, selten im hinteren Dünndarm oder im Dickdarm. In den mit den Fäzes ausgeschiedenen Eiern entwickeln sich im Freien die infektiösen LIII, die anschließend peroral aufgenommen werden. Nach der Aufnahme der Eier schlüpfen die Larven und wandern in die Blinddärme, wo sie geschlechtsreif werden. *H. gallinarum* besitzt eine Präpatenz von 24-34 Tagen (DEPLAZES et al., 2012). Die larvenhaltigen Eier sind unter günstigen Bedingungen langlebig und können je nach geographischer Lage auch überwintern. Zudem erhöhen die Regenwürmer, die als paratenische Wirte fungieren können (LUND et al., 1966), die Tenazität erheblich. Hier können die Larven über mehrere Jahre ihre Infektiosität bewahren (DEPLAZES et al., 2012; BECK und PANTCHEV, 2014).

Infektionen verlaufen oft asymptomatisch, allerdings werden bei Fasanen bei einem Befall mit *Heterakis isolonche*, Mattigkeit, Diarrhoe und Abmagerung mit teilweise erheblichen Verlusten beobachtet (MENEZES et al., 2003; BECK und PANTCHEV, 2014). Auch bei anderen Hühnervögeln kann ein schwerer Befall eine hämorrhagische Typhlitis verursachen (DEPLAZES et al., 2012), wobei in diesem Fall auf das zusätzliche Vorliegen einer Infektion mit Spirochäten untersucht werden sollte (DAVELAAR et al., 1986; DWARS et al., 1989).

Der Einachweis kann mit Hilfe des Flotationsverfahrens erfolgen. Die Eier sind denen von den Askariden sehr ähnlich. *Heterakis*-Eier sind leicht elliptisch und dickschalig mit fast



parallelen Seitenwänden. Mit 63-79 x 36-48 µm, wobei *H. dispar* etwas kleiner ist, sind die Eier der *Heterakis*-Arten geringfügig kleiner als die von *Ascaridia* spp., doch überlappen sich die Maße, so dass eine Differenzierung nicht immer eindeutig möglich ist. Der Eiinhalt ist ungefurcht, granulös, braun und ein schmaler Perivitellinraum ist sichtbar (SCHMÄSCHKE, 2015).

Abbildung 2: *Heterakis* spp. (400 x vergrößert)

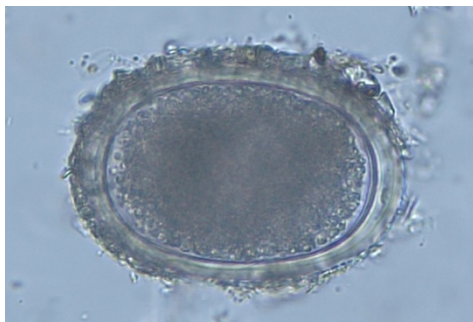
Zur Therapie verwendet werden können die Wirkstoffe Flubendazol oder Levamisol (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

2.1.2.2 *Ascaridia* spp.

Spulwürmer der Gattung *Ascaridia* besiedeln vor allem den Dünndarm. *Ascaridia* (*A.*) *galli* ist die am häufigsten vorkommende Spezies und verursacht die Ascaridiose des Nutzgeflügels, wobei alle Arten betroffen sein können, vorwiegend aber Hühner in Freilandhaltungen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). *A. dissimilis* tritt bei Truthühnern auf (NORTON et al., 1992), *A. compar* eher bei wildlebenden Hühnervögeln als bei Haushühnern (ROSÀ et al., 2011). Spulwürmer sind gelblich und besitzen 3 charakteristische Lippen um die Mundöffnung. Die Männchen von *A. galli* erreichen eine Länge von 7,5 cm, die Weibchen können bis zu 12 cm groß werden (BAUER, 2006; DEPLAZES et al., 2012). Die ausgeschiedenen Eier entwickeln sich ab einer Temperatur von 10 °C in der Außenwelt. Bei ausreichender Feuchtigkeit und einer Temperatur von 22-25 °C dauert es 8-10 Tage bis die infektiöse Larve III im Ei entstanden ist. Nach peroraler Aufnahme schlüpft die Larve im Dünndarm und wandert bis zu ihrer Häutung, ungefähr 3 Wochen *post infectionem*, in der Darmwand oder den Lieberkühnschen Drüsen. Danach kehren die Würmer in das Darmlumen zurück, wo sie 5-8 Wochen *p.i.* ihre Geschlechtsreife erreichen. Andere *Ascaridia*-Arten, wie beispielsweise *A. dissimilis*, zeigen eine Tendenz zur extra-intestinalen Wanderung und werden dann als Larven in der Leber und in anderen parenchymatösen Organen aufgefunden, wo sie mehrere Wochen parasitieren können (WILLOUGHBY et al., 1995; DEPLAZES et al., 2012).

In den frühen Infektionsphasen kommt es durch die histotrophe Phase der Larven zu entzündlichen Darmläsionen und Blutungen, welche in schwerwiegenden Fällen in katarrhalischen bis hämorrhagischen Enteritiden resultieren können. Bei schwerem Befall kann es sowohl zur Immunsuppression als auch zu schweren Infektionen mit nachfolgender Auswanderung der Parasiten in die Kloake oder in den Eileiter, bis hin zur Entstehung von Einschlüssen von Würmern in die Eier kommen. Klinisch zeigen sich vorwiegend bei Jungtieren, schlechte Gewichtszunahmen und ein reduziertes Wachstum, ferner Anämien (DEPLAZES et al., 2012; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Bei den Hühnern bestehen genetische Unterschiede in der Empfänglichkeit für eine *A. galli*-Infektion (A PERMIN und RANVIG, 2001; GAULY et al., 2002). Die Entwicklung einer partiellen Immunität unter natürlichen Bedingungen wurde beobachtet (DEPLAZES et al., 2012).

Der Nachweis der Wurmeier über den Kot gelingt mit Hilfe der Flotation (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014; SCHMÄSCHKE, 2015). Die Eier sind



denen von *Heterakis* sehr ähnlich und leicht mit diesen zu verwechseln. Spulwurmeier sind mit 60-95 x 43-55 µm geringfügig größer und haben stärker vorgewölbte Seitenwände. Allerdings ist eine sichere Unterscheidung nicht möglich, da es bei diesen Merkmalen Überlappungen zwischen *Ascaridia* und *Heterakis* gibt (SCHMÄSCHKE, 2015).

Abbildung 3: *Ascaridia* spp. (400 x vergrößert)

Die Therapie entspricht der bei den Heterakiden (DEPLAZES et al., 2012), wobei zusätzlich der Wirkstoff Piperazin angewendet werden kann (LALCHHANDAMA, 2008). Aufgrund der Langlebigkeit der Eier im Freiland gestaltet sich eine vollständige Bekämpfung ebenfalls als schwierig (DEPLAZES et al., 2012).

2.1.2.3 *Capillaria* spp.

Die Gattung *Capillaria* umfasst Würmer mit einem sehr geringen Durchmesser von 0,08 mm, daher auch als Haarwürmer bezeichnet, bei denen die Weibchen eine Länge von 13-18 mm erreichen und die Männchen 8-11 mm lang sind. Sie kommen bei verschiedenen Vogelarten vor, und einige Arten benötigen Zwischenwirte, meistens Regenwürmer, für ihren Entwicklungszyklus (BECK und PANTCHEV, 2014).

Häufig vorkommende Spezies sind *Capillaria (C.) annulata* und *C. contorta*, die sich im Ösophagus und im Kropf ansiedeln, und die im Blinddarm ansässige Art *C. anatis*, die auch als *C. retusa* bezeichnet wird. Im Dünndarm zu finden sind die Spezies *C. bursata*, *C. caudinflata* und *C. obsignata*. Eine direkte Entwicklung ohne Zwischenwirt findet laut SCHMÄSCHKE (2015) bei *C. contorta* und *C. caudinflata* statt, nach RAUTENSCHLEIN und RYLL (2014) bei *C. contorta* und *C. obsignata*, und nach DEPLAZES et al. (2012) zusätzlich noch bei *C. anatis* statt. Die Präpatenz beträgt je nach Spezies zwischen 3 und 4 Wochen, kann bei *C. contorta* aber auch bis zu 7 Wochen betragen.

Ein hochgradiger Befall kann katarrhalische bis exsudative Schleimhautläsionen zur Folge haben, bedingt durch das Einbohren der Haarwürmer in das Darmepithel. Klinisch treten dann Apathie, Abmagerung und Anämie auf, wobei Todesfälle trotzdem die Ausnahme bleiben (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Das zerstörte Epithel kann zudem eine Eintrittspforte für Bakterien darstellen und zu Sekundärinfektionen führen (BECK und PANTCHEV, 2014).

Zum diagnostischen Nachweis kann das Flotationsverfahren herangezogen werden, wobei



sich die tonnenförmigen *Capillaria*-Eier anhand ihrer Polkappen gut identifizieren lassen. Die unterschiedliche Form der Polpröpfe in Kombination mit weiteren Merkmalen, wie beispielsweise eine umgeschlagene innere Schicht der Eischale an den Polen, erlauben zudem eine Speziesdifferenzierung (SCHMÄSCHKE, 2015).

Abbildung 4: *Capillaria* spp. (400 x vergrößert)

Zu therapeutischen Zwecken können die Wirkstoffe Fenbendazol oder Flubendazol eingesetzt werden (BECK und PANTCHEV, 2014; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

2.1.2.4 *Syngamus trachea*, *Cyathostoma bronchialis*

Luftröhrenwürmer (Familie Strongylidae, Unterfamilie Syngaminae), die den Gattungen *Syngamus* und *Cyathostoma* angehören, parasitieren in den Luftwegen, und dabei überwiegend in der Trachea vom Hausgeflügel und von vielen Wildvögeln. Adultwürmer von *Syngamus trachea* sind blutrotfarbene Nematoden, die in Dauerkopulation, der sogenannten Y- oder Gabelform zusammengelagert sind. Die weiblichen Würmer werden bis zu 36 mm

lang, wohingegen die Männchen nur eine Größe von bis zu 8 mm erreichen. Die weiblichen Luftröhrenwürmer besitzen eine becherförmige Mundkapsel mit 6 bis 11 Zähnchen an der Basis, mit denen sie sich an die Trachealmukosa anheften. Die in der Trachea abgelegten Eier werden in die Schnabelhöhle hochgeflimmert, anschließend meistens abgeschluckt und gelangen mit dem Kot in die Außenwelt. Die infektiöse Larve III entwickelt sich im ausgeschiedenen Ei innerhalb von 3 Wochen und wird von Transportwirten, wie Regenwürmern, Schnecken oder Insekten aufgenommen. Diese werden von den Vögeln gefressen, so dass die Larven vorzugsweise über die Portalgefäße zur Lunge und von dort zur Luftröhre gelangen. Eine Wanderung der infektiösen Larven durch die Leibeshöhle zur Lunge ist selten, aber möglich. Die Präpatenz beträgt etwa 3 Wochen, und die Lebensdauer der adulten Nematoden beträgt meistens 1 bis 3 Monate, wobei sie aber auch ein Alter von bis zu 7 Monaten erreichen können.

Die blutsaugenden Tracheenwürmer verursachen durch ihr Anheften an das Epithel der Trachea Läsionen mit nachfolgenden Entzündungsreaktionen bis hin zu starker Schleimabsonderung. Vor allem Jungtiere zeigen ausgeprägte Symptome, wobei ein Strecken von Hals und Kopf mit geöffnetem Schnabel und Luftschnappen häufig zu beobachten ist. Hinzu kommen Atemgeräusche, Kopfschütteln bis hin zu schwerer Atemnot mit Todesfolge. Leichte, aber auch chronische Anämien sind möglich.

Diagnostisch ist bei jungen Tieren eine Darstellung der Würmer in der Trachea mittels Durchleuchten oder mit Hilfe eines Otoskops möglich (BAUER, 2006; BECK und PANTCHEV, 2014; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Im Flotationsverfahren stellen sich die Eier von *Syngamus trachea* elliptisch dar, mit leicht gewölbten Seitenwänden bei einer Länge von 74-125 µm und einer Breite von 36-55 µm. Gut zu erkennen sind die knopfartig verdickten Eipole mit beidseits vorhandenen Polkappen (BAUER, 2006; BECK und PANTCHEV, 2014; SCHMÄSCHKE, 2015). Der Eiinhalt besteht aus wenigen großen Furchungskugeln und einem großen Perivitellinraum (SCHMÄSCHKE, 2015).

Adultwürmer von *Cyathostoma bronchialis* leben im Gegensatz zu *Syngamus trachea* nicht in Dauerkopulation, ansonsten ist der Entwicklungszyklus sehr ähnlich. *Cyathostoma* spp. besiedeln nicht nur die Trachea, sondern je nach Spezies auch die Nasen- und Infraorbitalhöhlen (BECK und PANTCHEV, 2014). Die Wanderung zu den Lungen und Luftsäcken findet bei *Cyathostoma* häufiger über die Peritonealhöhle als über Blutwege statt (FERNANDO et al., 1973). Häufiges Auftreten wird bei Gänsen und anderen Wasservögeln, seltener bei Hühnervögeln beobachtet (GRIFFITHS et al., 1954; BAUER, 2006; BECK und PANTCHEV, 2014; SCHMÄSCHKE, 2015). Die Präpatenz beträgt 13 Tage (BAUER, 2006).



Die mittels Flotationsverfahren auffindbaren Eier sind eher längsoval und mit einer Größe von 68-92 x 41-65 µm etwas kleiner als *Syngamus trachea*. Zudem besitzen sie nur am schmalen Eipol eine flache Polkappe (BAUER, 2006; SCHMÄSCHKE, 2015).

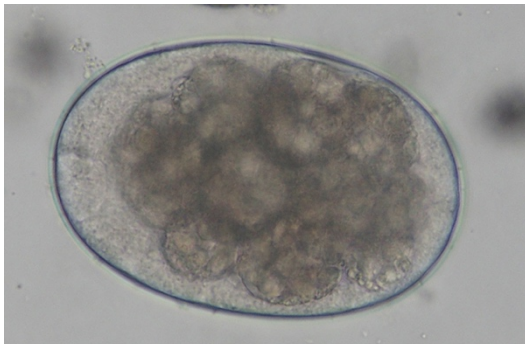
Abbildung 5: *Cyathostoma bronchialis* (400 x vergrößert)

Zur Therapie eignen sich ebenfalls Flubendazol oder Fenbendazol. Als vorbeugende Maßnahme kommt der Trockenlegung der Volieren oder Ausläufe, zur Unterbrechung der Infektionskette durch Schaffung von ungünstigen Lebensbedingungen für die Stapelwirte, eine bedeutende Rolle zu (BAUER, 2006; BECK und PANTCHEV, 2014).

2.1.2.5 *Amidostomum anseris*

Der vor allem beim Wassergeflügel häufig vorkommende Magenwurm *Amidostomum anseris* ist von rötlich-gelber Farbe und lebt im Muskelmagen seiner Wirte, wobei die weiblichen Würmer 12-24 mm und die männlichen Würmer 10-17 mm lang werden. Die schwimmfähige Larve III wird mit Grashalmen peroral aufgenommen oder sie bohrt sich im Wasser perkutan in die Gänseküken ein. Nur nach perkutaner Infektion erfolgt eine Blut-Lungen-Wanderung. Bei beiden Infektionswegen besiedeln die Larven schließlich die Magendrüsen im Muskelmagen, häufig im Isthmusbereich zwischen Drüsen- und Muskelmagen. Dort entwickeln sie sich weiter zu den adulten Würmern, die sich mit ihrer kegelförmigen Mundkapsel in der Keratinoidschicht des Muskelmagens verankern und somit zwischen dieser und der Magenschleimhaut anhaften. Die Eier werden über den Kot ausgeschieden, wo sich die Larve I bis zu ihrem Schlupf als Larve III entwickelt. Die Präpatenz beträgt bei Gänseküken 15-18 Tage, bei älteren Tieren bis zu 33 Tage (BAUER, 2006; DEPLAZES et al., 2012; BECK und PANTCHEV, 2014).

Symptome treten hauptsächlich bei 3-8 Wochen alten Gänseküken auf, wobei fremdartige Würgebewegungen charakteristisch sind. Zudem sind Schwäche, Inappetenz, reduziertes Wachstum, Diarrhoe und Anämie als mögliche klinische Erscheinungen zu nennen. Durch die gestörte Funktion des Muskelmagens und den Blut- sowie Plasmaproteinverlust, tritt nicht selten der Tod ein (BAUER, 2006; BECK und PANTCHEV, 2014; ANAH, 2017).



Diagnostisch eignet sich das Flotationsverfahren, wie auch eine pathologische Untersuchung verstorbener Tiere unter Berücksichtigung des Besiedlungsortes der adulten Würmer (BAUER, 2006; BECK und PANTCHEV, 2014). Die Magenwurmeier sind von elliptischer Form mit zwei relativ breiten Eipolen und einer dünnen, glatten Schale. Der Inhalt ist gefurcht bei deutlich sichtbarem Perivitellinraum (SCHMÄSCHKE, 2015).

Abbildung 6: *Amidostomum anseris* (400x vergrößert)

Zur Therapie eignen sich die Wirkstoffe Flubendazol und Fenbendazol (BECK und PANTCHEV, 2014), aber auch Piperazin (KATKOV, 1963), wobei der Behandlung der häufig latent infizierten Alttiere eine besondere Bedeutung zukommt (BAUER, 2006; BECK und PANTCHEV, 2014).

2.1.2.6 Spirurida

Die Spiruriden sind beim Wildgeflügel weit verbreitet. Da aber Zwischenwirte für den Entwicklungszyklus notwendig sind, spielen sie lediglich beim Hausgeflügel mit Freilandhaltung oder Auslauf eine Rolle. Die Hinterenden der adulten männlichen Würmer sind spiralig aufgerollt, daher werden sie auch als Rollschwänze bezeichnet. Die Würmer

haben einen zweigeteilten Ösophagus mit einem vorderen muskulösen Teil und einem hinteren drüsigen Teil. Zur Artdifferenzierung dienen Strukturen auf der Kutikula, Collarbänder genannt, sowie bei den *Echinuria* Stachelreihen auf dem vorderen Körperende.

Bei Hühnervögeln und beim Wassergeflügel kommt gelegentlich die im Drüsenmagen parasitierende Art *Tetrameres fissispina* vor. Als Zwischenwirte sind hier unter anderem Kleinkrebse zu nennen. Bei der Sektion können diese Magenwürmer leicht übersehen werden, da sie Zysten tief in den Magendrüsen bilden, aus denen sie herausgedrückt werden müssen. Ebenfalls bei Enten, Gänsen und gelegentlich bei Hühnern im Muskelmagen kommt *Streptocara crassicauda* vor, bei dem Bachflohkrebse als Zwischenwirte fungieren. Die Spezies *Echinuria uncinata* kommt überwiegend im Drüsenmagen von Enten und Gänsen vor und hat ebenfalls Kleinkrebse als Zwischenwirte. Da aber auch terrestrisch lebende Zwischenwirte, wie Heuschrecken, Asseln und Tausendfüßler in den Entwicklungszyklus eingeschaltet sind, sind einige Arten bevorzugt bei Hühnervögeln zu finden, wie beispielsweise *Dispharynx nasuata* (SCHMÄSCHKE, 2015).

Die Spiruriden sind ovovivipar oder larvipar (DEPLAZES et al., 2012). Die geschlechtsreifen weiblichen Würmer von *Tetrameres fissispina* sind dunkelrot und sitzen in sphärischer Form in den Vormagendrüsen, wohingegen die weißen männlichen Würmer, außer zum Zeitpunkt der Kopulation, frei im Lumen anzutreffen sind. Nach der Kopulation verlassen die Männchen die Drüsen und verenden. Die Eier werden ausgeschieden, von den Zwischenwirten aufgenommen, woraufhin die Larven schlüpfen und sich zum für die Endwirte infektiösen Stadium weiterentwickeln. Nach Aufnahme des Zwischenwirts durch die Endwirte wandern die Larven innerhalb von 16-24 h in die Magendrüsen ein, und die Kopulation männlicher und weiblicher Würmer findet innerhalb von 18 Tagen statt. Danach sind nur noch weibliche Würmer in den Drüsen zu finden (KAMIL et al., 2011).

Bei immungeschwächten Tieren kann eine Infektion mit *Tetrameres fissispina* mit hohen akuten Verlusten einhergehen. Die Tiere zeigen unter anderem Schwäche, Inappetenz und wässrige Durchfälle (KAMANI et al., 2008; KAMIL et al., 2011).



Zur Diagnose werden die Eier mittels Flotationsverfahren nachgewiesen. Eine Artbestimmung ist anhand der Morphologie der Eier nicht möglich. Die dickschaligen, glatten, elliptischen Eier sind klein und haben je nach Art eine Länge von 26-60 µm und eine Breite von 10-35 µm. Im Inneren befindet sich bereits bei der Ablage stets ein Larvenstadium (SCHMÄSCHKE, 2015).

Abbildung 7: Spirurida (400x vergrößert)

Als Therapie eignen sich grundsätzlich makrozyklische Laktone (DEPLAZES et al., 2012).

2.1.3 Zestoden

Beim Wirtschaftsgeflügel relevante Zestoden-Arten gehören bei den Hühnern den Familien *Davaeinaeidae* und *Dilepididae* an. Beim Wassergeflügel spielt insbesondere die Familie *Hymenolepididae* eine Rolle. Es können kleine Bandwurmarten von wenigen Millimetern Länge, beispielsweise *Davainea proglottina* oder *Amoebotaenia cuneate*, vorkommen, aber auch Bandwürmer von mehreren Zentimetern bis hin zu über 20 cm Länge, die zum Beispiel der Gattung *Raillietina* angehören (DEPLAZES et al., 2012; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

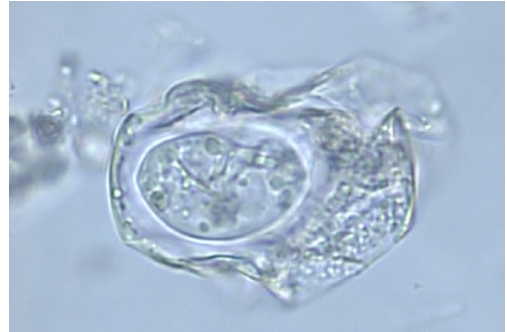


Abbildung 8: Cestoda (400 x vergrößert)

Der Körper der Zestoden lässt sich in einen Kopf, den sogenannten Skolex, und in eine Gliederkette, die Strobila unterteilen, die aus den Bandwurmgliedern besteht. Bandwürmer sind Zwitter, und ihre Proglottiden enthalten jeweils mindestens ein Set aus weiblichen und männlichen Geschlechtsorganen. Zur Artdifferenzierung spielen die Morphologie des Skolex mit seinen Saugnäpfen und der enthaltenen Hakenform, -anzahl und -größe, genauso wie die Lage und Form der Geschlechtsorgane in den Proglottiden eine Rolle (GUTBERLET, 1916; SCHMÄSCHKE, 2015).

Bandwürmer benötigen mindestens einen Zwischenwirt, in dem sich die Larven entwickeln und der oral aufgenommen wird. Daher kommen bei den Hühnervögeln Infektionen mit Bandwürmern bevorzugt bei Tieren in Freilandhaltungen vor, mit direktem Zugang zu Nacktschnecken, Regenwürmern und Insekten, die als Zwischenwirte fungieren können. Es können aber auch Tiere mit Stallhaltung betroffen sein, wenn ein Zugang zu einer genügend hohen Anzahl an infizierten Zwischenwirten möglich ist. Wasservögel sind einem ständigen Infektionsrisiko ausgesetzt, da sie unentwegt in Kontakt mit Krebstieren sind (CASE, 1939; DEPLAZES et al., 2012; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). In den Zwischenwirten entwickeln sich innerhalb von mindestens 3-4 Wochen nach Aufnahme der Bandwurmeier, das zweite Larvenstadium, die Cysticercoide. Sie gelangt dann durch die orale Aufnahme des Zwischenwirts in den Endwirt. Die Präpatenzen sind bei den einzelnen Bandwurmartens sehr unterschiedlich und können 9 Tage bis zu 6 Wochen betragen (DEPLAZES et al., 2012).

Ein geringgradiger Cestodenbefall verläuft beim Nutzgeflügel klinisch inapparent und verursacht meist nur geringfügige Veränderungen der Darmschleimhaut (DEPLAZES et al., 2012; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Erst ein stärkerer Befall tritt auch klinisch in Erscheinung, er weist meist auf ein Bestandshygieneproblem hin. Die Tiere magern ab, haben blasse Kämme aufgrund von Blutverlusten (VIJAYAKUMARAN NAIR und NADAKAL, 1981), und schleimigen bis wässrigen Durchfall. Pathologisch-anatomisch handelt es sich um eine katarrhalische Enteritis (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Ein Befall mit Bandwürmern lässt sich häufig schon makroskopisch durch den Nachweis der Proglottiden im Kot diagnostizieren (DEPLAZES et al., 2012; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Eine Diagnose mittels Flotationsverfahren und mikroskopischer Untersuchung gestaltet sich oft als schwierig, da die Eier nur selten aus den Eikapseln der graviden Proglottiden freigesetzt werden. Zestodeneier der Gattungen *Davainea*, *Raillietina*, *Choanotaenia* und *Amoebotaenia* sind rund bis oval mit einer dünnen, farblosen und

durchscheinenden Schale. Die Eier der *Hymenolepididae* sind hingegen eher rund bis elliptisch und besitzen eine mehrschichtige Schale. Charakteristisch ist die enthaltene Onkosphäre, also das erste Larvenstadium mit deutlich sichtbaren, glassplitterähnlichen Embryonalhäkchen. Die Breite und Länge der Proglottiden variiert stark, beträgt jedoch meistens weniger als 1 mm bis hin zu mehreren Millimetern. Einige Bandwurmglieder können jedoch eine Größe von fast 2 cm erreichen. Die Eier der auch bei ausschließlich im Stall gehaltenem Geflügel vorkommenden *Raillietina cesticillus* sind 93 x 74 µm groß. Die beim Wassergeflügel vorkommenden *Drepanidotaenia lanceolata* sind deutlich kleiner mit einer Länge von 50 µm und einer Breite von 35 µm (SCHMÄSCHKE, 2015).

Bei der Therapie kann in Kombination mit der Zwischenwirtsbekämpfung in den Stallungen, Flubendazol zum Einsatz kommen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

2.2 Bakterien

Taxonomie Stand: 18.12.2017

Quelle: NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION

2.2.1 Grampositive Bakterien der Ordnung Lactobacillales

2.2.1.1 Familie Lactobacillaceae

2.2.1.1.1 *Lactobacillus* spp.

Die Gattung *Lactobacillus* umfasst mehrere Dutzend Arten. Sie bilden teilweise recht lange Stäbchen aus mit einer Größe von 0,5-1,2 x 1,0-10,0 µm. Die Anordnung erfolgt oft in Form von kurzen Ketten bei teils schwacher Beweglichkeit. Eine Wachstumsstimulierung kann durch Zusatz von 5 % CO₂ erreicht werden. Sie besiedeln den Gastrointestinaltrakt von Vögeln und Säugetieren. Charakteristisch für die Laktobazillen ist ihre Fähigkeit zur Milchsäurebildung, so dass die Milchsäure das Hauptendprodukt aller Stoffwechselleistungen darstellt. Man unterscheidet homofermentative Spezies, wie beispielsweise *Lactobacillus acidophilus*, von heterofermentativen Arten, wie *L. kefir*. Diese Spezies bilden neben der Milchsäure, zusätzlich noch Essigsäure, Ameisensäure und Ethanol. Eine Zwischenstellung nehmen fakultativ heterofermentative Spezies ein. Laktobazillen kommen bei der Herstellung von Milchprodukten, Rohwürsten und bei der Fermentation pflanzlicher Materialien, wie bei der Herstellung von Silagen, zum Einsatz (SELBITZ et al., 2015). Außerdem bilden sie antibakterielle Stoffe und üben dadurch eine antagonistische Wirkung auf andere darmbesiedelnde Bakterien aus. So können sie als Probiotika zur Regulierung der Darmflora eingesetzt werden (MURRY JR et al., 2004; SELBITZ et al., 2015).

Die unbewegliche, Katalase-negative Spezies *Lactobacillus salivarius* reduziert durch das gebildete Bacteriocin, die Anzahl von *Salmonella* Enteritidis in Legehühnern (PASCUAL et al., 1999). Aufgrund einer möglichen Verunreinigung der Schlachtkörper durch den Darminhalt der Tiere während des Schlachtvorgangs und der humanpathogenen Bedeutung einiger bakterieller Erreger, ist *Lactobacillus salivarius* als potentiell sinnvolles Probiotikum anzusehen. Bei in vitro Studien bei Puten konnte eine Reduktion der Anzahl von *Campylobacter jejuni* durch einige *Lactobacillus* spp. nachgewiesen werden. Allerdings sind weitere Studien notwendig um die genauen Zusammenhänge vollständig aufzudecken (STERN et al., 2006). In Hühnerkotproben sowohl aus kommerziellen Broiler-Haltungen als auch aus privaten Hobbyhaltungen war *L. salivarius* die am häufigsten vorkommende Spezies dieser Gattung (KOBIERECKA et al., 2017).

Beim Menschen wurden Laktobazillen in seltenen Fällen mit opportunistischen Infektionen in Verbindung gebracht (SELBITZ et al., 2015).

2.2.1.2 Familie Streptococcaceae

2.2.1.2.1 *Streptococcus* spp.

Streptokokken sind mit einem Durchmesser von bis zu 2 µm, kugelförmige, grampositive Kokken, die sich bevorzugt paarweise oder in Ketten zusammenlagern, da sie sich nur in einer Ebene teilen. Diese Kokken sind keine Katalasebildner, wachsen fakultativ anaerob bei einer Temperatur von 25-45°C, mit einem Temperaturoptimum von 37°C. Auf dem Blutagar unterscheidet man die vollständige Hämolyse, welche als β-Hämolyse bezeichnet wird, von der vergrünenden α-Hämolyse. Bei der Differenzierung der Streptokokken spielt zudem der Nachweis der antigen wirksamen Zellwandpolysaccharide, der sogenannten C-Substanz (Carbohydrate), eine zentrale Rolle. Die zur Unterteilung verwendeten Lancefield-Gruppen

beruhen auf dieser Einteilung, wobei Rhamnose, Glucose und Galactose wesentliche Bestandteile dieser Gruppenantigene sind. Diese werden mittels Präzipitationsreaktionen, Latexagglutination und Co-Agglutination nachgewiesen (SELBITZ et al., 2015).

Streptokokken der Lancefield-Serogruppe C können vorwiegend bei Masthühnern und Legehennen zu Erkrankungen führen. Am häufigsten wird *Streptococcus zooepidemicus* nachgewiesen. Als Virulenzfaktoren sind unter anderem Streptolysine, Hämolysine und Streptokinasen zu nennen. Streptokokken sind als Besiedler der Respirations- und der Verdauungsorgane nachzuweisen. Infektionen erfolgen oral oder aerogen, wobei zusätzliche, begünstigende Faktoren eine Rolle spielen. Die Mortalität bei perakuten und akut septikämischen Verläufen kann 50 % betragen und die Legeleistung kann um 15 % sinken. Klinisch zeigen die Tiere unspezifische Symptome, wie Apathie, gesträubtes Gefieder, geschlossene Augen und blutige Hautbezirke und Federn in der Umgebung des Schnabels. Zu Beginn fallen zunächst Blässe und im Endstadium zyanotische Häse sowie Kehllappen auf. Bei subakut bis chronischen Fällen sind Dyspnoe, Lahmheiten und ZNS-Störungen festzustellen. Zusätzlich können Endokarditiden entstehen. Eine antibiotische Therapie nach Resistenztest ist außer bei der Streptokokken-Endokarditis, genauso möglich wie der Einsatz autogener Impfstoffe (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Der *Streptococcus bovis-equinus*-Komplex wurde neu klassifiziert. So wurden die Spezies *S. bovis* und *S. equinus* gleichgestellt, wobei die Bezeichnung *Streptococcus equinus* vorrangig verwendet wird. Außerdem wurden mehrere ehemals als Spezies anerkannte Taxa in einer Art, *Streptococcus gallolyticus*, zusammengefasst, wobei zusätzlich eine Unterteilung dieser Spezies in 3 verschiedene Subspezies erfolgt ist. Zu dem ursprünglichen Komplex zählen außerdem nach wie vor *Streptococcus infantarius* ssp. *infantarius* und *Streptococcus infantarius* ssp. *coli*, sowie die Art *Streptococcus alactolyticus*. (SCHLEGEL et al., 2003) Als Synonym für *Streptococcus infantarius* ssp. *coli* wird *Streptococcus lutetiensis* verwendet (POYART et al., 2002; SCHLEGEL et al., 2003). *Streptococcus gallolyticus* gilt als fakultativ pathogen und wurde aus der Darmflora von Tauben (BAELE et al., 2002) isoliert, aber auch als Verursacher von Septikämien bei Tauben, sowie als Erreger von Endokarditiden und Meningitiden beim Menschen (FACKLAM, 2002) identifiziert. Mittlerweile nimmt die Bedeutung von *S. gallolyticus* als Verursacher sowohl von Endokarditiden beim Menschen als auch von Septikämien beim domestizierten Geflügel zu, so dass latent infizierte Vogelbestände ein ernstzunehmendes Problem darstellen können (SEKIZAKI et al., 2008). Wie vom Hersteller des MALDI Biotyper in den angezeigten Informationen nach der Identifizierung einiger Spezies erläutert, ist eine Unterscheidung auf Speziesebene von einigen nah verwandten Bakterien unsicher. So auch die Differenzierung von einigen Streptokokken, wie dem *Streptococcus equinus*-Komplex (ISAKSSON et al., 2015).

2.2.1.2.2 *Lactococcus* spp.

Laktokokken sind grampositiv, Katalase-negativ und fakultativ anaerob. Bis zum Jahre 1985 wurden Laktokokken zur Gattung *Streptococcus* hinzugezählt (FACKLAM und ELLIOTT, 1995). Insbesondere *Lactococcus lactis* ssp. *lactis* und *Lactococcus garvieae* wurden seit den 1990er Jahren häufiger bei Mensch und Tier diagnostiziert und stehen seitdem in Verdacht, Verursacher von opportunistischen Infektionen zu sein. Ihre Identifizierung gestaltete sich als schwierig, da sie häufig mit Enterokokken oder Streptokokken verwechselt wurden (FACKLAM und ELLIOTT, 1995; CHAN et al., 2011). Die Bedeutung von *Lactococcus lactis* hat sich stark gewandelt. Von einem ursprünglich in Lebensmitteln enthaltenem Bakterium, erfolgte der Umschwung hin zu einer für die Industrie und für die Medizin wertvollen Spezies, deren Bedeutung weiterer Forschung bedarf (SONG et al., 2017). Laktokokken

wachsen als kleine Kolonien und zeigen eine schwache α -Hämolyse auf Blutagar. Bei einem Massensterben von Wassergeflügel im Südwesten von Spanien, wurde *Lactococcus lactis* ssp. *lactis* erstmals eindeutig isoliert. Allerdings sind weitere Untersuchungen nötig um die Pathogenität dieses Erregers beim Wassergeflügel eindeutig zu bestimmen (GOYACHE et al., 2001).

2.2.1.3 Familie Enterococcaceae

2.2.1.3.1 *Enterococcus* spp.

Zur Gattung *Enterococcus* zählen grampositive, unbewegliche, fakultativ anaerobe, sowie kugelförmige Bakterien (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Sie waren früher als Lancefield-Serogruppe D der Gattung *Streptococcus* angehörig, wo sie aber bereits eine gewisse Sonderstellung innehatten, bevor sie dann als eigene Gattung abgetrennt wurden. *Enterococcus* spp. wachsen innerhalb eines Temperaturbereichs von 10-45°C, bei einem pH-Wert von 9,6 und in Anwesenheit von 6,5 % NaCl und 40 % Galle. Diese Wachstums- und Toleranzkriterien, genauso wie ihr Wachstum auf einem Galle-Äsculin-Agar und der Nachweis der Pyrrolidonyl-Peptidase (PYRase), können als vorläufige Abgrenzung zu den Streptokokken herangezogen werden (SELBITZ et al., 2015). Zur ersten Unterscheidungshilfe der Enterokokken untereinander, kann die gelbe Pigmentierung einiger Spezies, beispielsweise von *Enterococcus casseliflavus* und *Enterococcus mundtii*, herangezogen werden (COLLINS et al., 1986). Ein unpigmentiertes Wachstum auf Blutagar zeigen dagegen *E. aquimarinus*, *E. columbae* oder auch *E. gallinarum* (COLLINS et al., 1986; DEVRIESE et al., 1990a; ŠVEC et al., 2005).

Enterokokken sind normale Bewohner der Darmschleimhaut, spielen allerdings eine Rolle bei extraintestinalen, sporadisch auftretenden bakteriell bedingten Veränderungen (SELBITZ et al., 2015). Insbesondere *Enterococcus* (*E.*) *faecalis*, *E. faecium*, *E. durans*, *E. avium*, *E. cecorum* und *E. hirae* sind als Infektionserreger zu nennen, wobei bei allen Nutzgeflügelarten jeden Alters *E. faecalis* und *E. cecorum* die größte Rolle spielen. Die letztgenannten Spezies kommen vor allem bei Legehennen, Masthühnern und Pekingenten vor. Die Verläufe können akut und subakut bis chronisch sein. Fütterungsbedingte Veränderungen der Darmflora können, bedingt durch eine durchlässigere Darmschleimhaut, eine systemische Verbreitung der Enterokokken eventuell begünstigen. Klinisch äußern sich akute Verläufe durch Septikämien, wobei bei subakuten bis chronischen Verläufen die infizierten Tiere eine abnehmende Futterverwertung, eine schlechte Gewichtszunahme, eine Legeleistungsdepression, sowie Apathie und Tremor zeigen. Eine Einwanderung der Enterokokken über eine kontaminierte Eierschale und dadurch bedingte Embryosterblichkeit ist möglich (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Zusätzlich wird *E. faecalis* mit der amyloiden Atrophie der Hühner in Verbindung gebracht (SELBITZ et al., 2015).

Als Bekämpfungsmaßnahme ist die Prophylaxe durch ein gutes Hygienemanagement als beste Methode zu nennen. Eine antibiotische Therapie nach Resistenzprüfung ist möglich. In verschiedenen *Enterococcus*-Arten konnten Gene zur Expression von Antibiotikaresistenzen nachgewiesen werden (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Daher spielen Vancomycin-resistente Enterokokken (VRE) eine zunehmende Bedeutung bei nosokomialen Infektionen des Menschen (GEISEL et al., 2006). Andere *Enterococcus* spp. wie *E. casseliflavus* oder *E. gallinarum* wurden in den USA sowohl in den Ausscheidungen von Vögeln als auch als Krankheitserreger und VR-Keime nachgewiesen. Eine horizontale Übertragung vom Tier auf den Menschen wird in Europa als wahrscheinlich angesehen. (HARWOOD et al., 2001)

2.2.1.3.2 *Vagococcus fluvialis*

Die Gattung *Vagococcus* entstand aus Bakterien, die ehemals als motile Laktokokken bezeichnet wurden. Es werden 2 verschiedene Spezies dieser Katalase-negativen, fakultativ anaeroben Kokken unterschieden: *Vagococcus fluvialis* und *Vagococcus salmoninarum* (FACKLAM und ELLIOTT, 1995). *Vagococcus fluvialis* wurde bei einigen Säugetieren und auch vereinzelt beim Menschen nachgewiesen. Seine Bedeutung als Krankheitserreger ist weitestgehend unbekannt (POT et al., 1994; TEIXEIRA et al., 1997).

2.2.1.4 Familie Aerococcaceae

2.2.1.4.1 *Aerococcus* spp.

Aerokokken sind grampositive Kokken. Sie wachsen bevorzugt unter mikroaerophilen Bedingungen bei einer Optimaltemperatur von 30°C. Ein Wachstum tritt auch noch bei niedrigeren Temperaturen, wie 10°C, auf. Höhere Temperaturen werden schlechter toleriert. Diese Gattung enthält die Arten *Aerococcus* (A.) *viridans*, *A. urinae* und *A. sanguinicola*. *Aerococcus viridans* ist als Krankheitserreger bei Hummern beschrieben (SELBITZ et al., 2015).

Mit der Anwendung von neueren Differenzierungsmethoden, wie der MALDI-TOF Massenspektrometrie, wurde die Bedeutung der Aerokokken als seltene humanpathogene Erreger erkennbar. Insbesondere *Aerococcus urinae*, gefolgt von *A. sanguinicola* und *A. viridans* wurden inzwischen als Erreger von nosokomialen Harnwegsinfektionen beschrieben. Bakteriämien und das Auftreten von Endokarditiden infolge solcher Infektionen sind zusätzlich beschrieben (MOHAN et al., 2017).

2.2.1.5 Familie Leuconostaceae

2.2.1.5.1 *Leuconostoc* spp.

Die Gattung *Leuconostoc* gehört zur Ordnung der Lactobacillales, also zu den Milchsäurebakterien. *Leuconostoc* spp. sind fakultativ anaerobe, unbewegliche und Katalase-negative Kokken. Sie wachsen bevorzugt bei 20-30°C, wobei einige psychrotrophe Spezies dieser Gattung sich auch noch bei Kühlschranktemperaturen vermehren können. Auf Blutagar wachsen sie mit einer Koloniengröße von unter 1 mm und ihre Morphologie ähnelt derer der Laktokokken.

Leuconostoc sind weit verbreitet und kommen sowohl in Pflanzen als auch in Produkten tierischen Ursprungs, wie Rohmilch und Geflügel, vor. In seltenen Fällen können Bakterien dieser Gattung Bestandteil der Darmmikrobiota von Säugetieren, auch des Menschen, sein und die Schleimhäute besiedeln. Eine Erkrankung tritt normalerweise nur bei immundefizienten Individuen auf. Alle *Leuconostoc* spp. sind resistent gegenüber dem Antibiotikum Vancomycin (HUYS et al., 2011).

2.2.2 Grampositive Bakterien der Ordnung Bacillales

2.2.2.1 Familie Bacillaceae

2.2.2.1.1 *Bacillus* spp.

Die Gattung *Bacillus* beinhaltet stäbchenförmige, grampositive Bakterien von 0,5-2,5 x 1,2-10,0 µm, die sich oft paarweise oder in Ketten mit abgerundeten oder rechtwinkligen Enden zusammenlagern. Die Bakterien lassen sich aerob und fakultativ anaerob anzüchten, wobei es unter diesen Bedingungen auch zur Versporung kommen kann. Von den mehreren

Dutzend bekannten Arten der Gattung *Bacillus* führen einige zu Erkrankungen bei Vögeln, ferner auch bei Säugetieren, beim Menschen und bei Insekten.

Der Milzbrand, verursacht durch *Bacillus anthracis*, spielt bei der Klasse der Vögel eine untergeordnete Rolle und wurde bisher nur vereinzelt bei Enten, Straußen und Greifvögeln beschrieben. Klinisch wurden perakute und akute Milzbrandseptikämien nachgewiesen (SELBITZ et al., 2015).

Bacillus cereus-Infektionen treten sekundär auf und sind abhängig von belastenden infektiösen und nicht-infektiösen Faktoren. Dieses Bakterium ist vor allem im Erdboden ubiquitär verbreitet, aber auch in der Einstreu, im Kot und in Futtermitteln. Hygiene spielt daher bei der Prophylaxe eine übergeordnete Rolle. Bei erkrankten Jungtieren, welche am häufigsten betroffen sind, kommt es zu perakuten und akuten Krankheitsverläufen mit Todesfällen. Alttiere erkranken weniger oft, wobei die Erkrankung oft subklinisch verläuft. Klinisch zeigen betroffene Tiere Ödeme und hämorrhagische Entzündungen im Unterhautbereich (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Diagnostisch stellen sich Kolonien von *Bacillus cereus* morphologisch sehr unterschiedlich dar. So können die Kolonien bei einer Bebrütung über Nacht eine Größe von 2-7 mm entwickeln und von trocken-rauer oder auch feucht glänzender Oberflächenbeschaffenheit sein (ROLLE und MAYR, 2007). Eine antibiotische Behandlung erkrankter Tiere ist möglich (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Beim Menschen spielt *B. cereus* eine Rolle bei Lebensmittelinfektionen. Ein hitzestabiles, emetisches Toxin, das Cereulid, wird dabei bereits im Lebensmittel gebildet und mit diesem aufgenommen, wohingegen die hitzelabilen Enterotoxine erst während des vegetativen Wachstums von *Bacillus cereus* im Darm gebildet werden. Diese führen zu akuten wässrigen Durchfällen (EHLING-SCHULZ et al., 2006).

B. pumilus gilt als apathogen für Mensch und Tier. Nichtsdestotrotz konnten mittlerweile Isolate bei immunsupprimierten Individuen oder bei einer vorliegenden Lebensmittelvergiftung nachgewiesen werden. Aufgrund der weiten Verbreitung von *Bacillus* spp. im Erdreich und deren Fähigkeit zur Sporenbildung und dadurch bedingter langer Überlebensdauer (PARVATHI et al., 2009), sowie deren Nutzen, beispielsweise von *B. licheniformis*, für die Industrie (SCHALLMEY et al., 2004), nimmt diese Gattung eine Sonderstellung ein. *Bacillus odyseeyi* wird mittlerweile zur Gattung *Lysinibacillus* hinzugezählt (JUNG et al., 2012) und erhielt seinen Namen nach seiner Isolierung vom Raumschiff Mars Odyssey (LA DUC et al., 2004).

2.2.2.1.2 *Lysinibacillus* spp.

Die Gattung *Lysinibacillus* entstand im Jahre 2007 und beinhaltet bewegliche, grampositive Sporenbildner, die fähig sind, Oxidase und Katalase zu bilden. Diese Stäbchenbakterien zeigen ein Wachstum bei Temperaturen von 16-45°C, wobei das Temperaturoptimum bei 37°C liegt (AHMED et al., 2007). Diese Gattung hat zudem aufgrund ihrer Lysin-Asparaginsäure-Peptidoglykanstrukturen in der Zellwand eine Sonderstellung innerhalb der Bacillaceae inne. *Lysinibacillus* spp. wurden aus dem Erdboden, aus Oberflächengewässer, aber auch aus menschlichem Gewebe isoliert (ZHAO et al., 2015).

Im Gegensatz zu *Bacillus* spp. können *Lysinibacillus* spp. kein Nitrat zu Nitrit reduzieren. *Lysinibacillus sphaericus*, früher *Bacillus sphaericus*, hat eine Größe von 1,5-5,0 x 0,6-1,0 µm (AHMED et al., 2007) und wird als Insektizid verwendet (BERRY, 2012). *L. contaminans* erhielt seinen Namen nach Kontamination einer *Enterobacter*-Anzuchtsplatte, bei der im

Anschluss stattfindenden Isolierung und Typisierung. Das Temperaturoptimum für die Anzucht liegt bei 30°C, allerdings werden Temperaturen von 15-45°C toleriert. Die Endosporenbildung ist spärlich ausgebildet und findet an den Endpositionen statt (KÄMPFER et al., 2013).

2.2.2.2 Familie Staphylococcaceae

2.2.2.2.1 *Staphylococcus* spp.

Zur Gattung *Staphylococcus* gehören grampositive, kugelförmige Bakterien mit einem Durchmesser von 0,5-1,5 µm, die einzeln, paarweise oder unregelmäßig aneinander angelagert vorkommen. Im Gegensatz zu den Streptokokken teilen sie sich in mehreren Ebenen und lagern sich deshalb auch haufenweise an. Staphylokokken sind fakultativ anaerob und Katalase-positiv. Zur Anzucht eignet sich besonders Blutagar. Als Abgrenzung zur Gattung *Micrococcus* dient bevorzugt der anaerobe Glucoseabbau, sowie die Furazolidonresistenz der Staphylokokken.

Medizinisch von Bedeutung sind Staphylokokken vor allem als Eitererreger. Zur Speziesdiagnose von *Staphylococcus aureus* kann neben der oft weißlichen bis gelblichen Pigmentation und der auf Blutagar sichtbaren Hämolysezone, die Koagulasereaktion und der Nachweis des Clumping-Faktors herangezogen werden. Zusätzlich zu der Koagulase, die die Gerinnung von Fibrinogen verursacht, und dem Clumping-Faktor, der mit seinen Fibrinogenrezeptoren direkt an das Fibrinogen bindet, was wiederum zur sichtbaren Verklumpung von Blutplasma führt, produzieren Staphylokokken noch viele weitere Virulenzfaktoren. An der Zelloberfläche finden sich unter anderem eine antiphagozytäre Schleimhülle sowie das Protein A, das mit den Fc-Fragmenten von Immunglobulinen reagiert, so dass diese nicht mehr zur Opsonisierung zur Verfügung stehen. Als bedeutende Toxine sind die Enterotoxine A, B, C1-C3, D und E sowie die epidermolytischen Exfoliativtoxine zu nennen. Außerdem werden Hyaluronidase und vier verschiedene Hämolsine gebildet, die auf Blutagar zu unterscheidbaren Hämolysezonnen führen. So ruft α-Hämolsin eine vollständige Hämolyse hervor, wohingegen es bei β-Hämolsin erst bei niedrigen Temperaturen zur vollständigen, sogenannten Heiß-Kalt-Lyse („hot-cold-lysis“), kommt.

Staphylokokken kommen primär auf der Haut und den Schleimhäuten vor (SELBITZ et al., 2015). *Staphylococcus aureus* kann allerdings bei einer vorliegenden Immunsuppression oder einer vorangegangenen Verletzung die Staphylokokkose verursachen. Beim Geflügel gelten Koagulase-positive Stämme als obligat pathogen und Koagulase-negative Stämme als fakultativ pathogen. Die verursachten klinischen Symptome sind vielseitig und reichen von einer Arthritis und Synovitis oder einer Osteomyelitis, bei denen alle Altersstufen betroffen sein können, bis hin zu einer Omphalitis bei frisch geschlüpften Küken mit noch nicht verheilter Nabelschnur. Jüngere Tiere sind häufig von gangränösen Dermatitisen betroffen, wohingegen ältere Tiere eine Bursitis („breast buttons“) oder Sohlenballenabszesse („bumble foot“) zeigen können. Die Morbidität und Mortalität sind gering, außer wenn es bei den infizierten Küken zu einer aufsteigenden Omphalitis mit nachfolgender Septikämie kommt. Allerdings sind auch bei älteren Tieren Septikämien möglich. Die klinischen Symptome sind entsprechend der verschiedenen Infektionsformen breit gefächert.

Zur Bekämpfung hat sich ein Einsatz von Impfstoffen aufgrund einer nur schwach ausgebildeten schützenden Immunität nicht bewährt. Aufgrund der weiten Verbreitung von Resistenzen sollte eine antibiotische Therapie unbedingt nach Resistenztest erfolgen. Die Prognose ist trotzdem vorsichtig zu stellen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Staphylokokken – insbesondere *Staphylococcus aureus* – spielen eine entscheidende Rolle bei nosokomialen Infektionen und bei Lebensmittelinfektionen sowie –intoxikationen. Resistenzen sind weit verbreitet, wobei insbesondere Methicillin resistente *Staph. aureus* bei den Hospitalinfektionen zu nennen sind (SELBITZ et al., 2015).

Zur groben Differenzierung der Koagulase-negativen Staphylokokken, die anders als beim Tier in der Humanmedizin eine große Rolle spielen, kann die Empfindlichkeit gegenüber Novobiocin herangezogen werden. Als wichtigster Vertreter der nicht Koagulase-produzierenden Staphylokokken ist *Staph. epidermidis* zu nennen. Die Fähigkeit zur Bildung von Biofilmen stellt ein zusätzliches Problem dar (SELBITZ et al., 2015). Weitere Vertreter, die regelmäßig auf der Haut von Tieren und gelegentlich beim Menschen nachgewiesen werden, sind *Staph. saprophyticus*, *Staph. xylosus* (SCHLEIFER und KLOOS, 1975) und Mitglieder der *Staph. sciuri*-Gruppe, wie *Staph. sciuri*, *Staph. lentus* und *Staph. vitulinus* (STEPANOVIC et al., 2003). Auch die Koagulase-negativen Spezies, *Staph. equorum*, *Staph. succinus* (NOVÁKOVÁ et al., 2006) und *Staph. lugdunensis* (FRANK et al., 2008) wurden mittlerweile aus klinischen Proben humanem Ursprungs angezüchtet.

2.2.2.2.2 *Macrococcus caseolyticus*

Macrococcus caseolyticus wurde früher zur Gattung *Staphylococcus* gezählt und als *Staphylococcus caseolyticus* bezeichnet (KLOOS et al., 1998). Diese Spezies wurde bis jetzt ausschließlich von Tierhäuten und aus Produkten tierischen Ursprungs, wie Milch oder Fleisch, isoliert. Von Hühnern wurden zudem Multi Drug resistente *Macrococcus caseolyticus* identifiziert (TSUBAKISHITA et al., 2010).

2.2.2.3 Familie Paenibacillaceae

2.2.2.3.1 *Brevibacillus borstelensis*

Brevibacillus sind grampositive oder gramlabile, bewegliche, kleine stäbchen- bis coryneförmige Bakterien (SHIDA et al., 1996). *Brevibacillus borstelensis* hat eine Größe von 0,5-0,9 x 2,0-5,0 µm und ein Temperaturoptimum von 30°C bei einer getesteten, tolerierten Temperaturspanne von 20-50°C. Das Referenzisolat stammt aus einer Bodenprobe aus Borstel in Deutschland (SHIDA et al., 1995).

2.2.2.4 Familie Planococcaceae

2.2.2.4.1 *Viridibacillus* spp.

Seit der Neubegründung der Gattung *Viridibacillus*, enthält diese 3 ehemalige *Bacillus*-Spezies, und zwar *V. arenosi*, *V. arvi* und *V. neidei*. Der Name dieser Gattung rührt von dem gebildeten grünen Pigment - *viridis* bedeutet grün - während des Wachstums, meistens sichtbar nach 48 h. Ein Wachstum wird zwischen 5-40°C beobachtet. Die Stäbchenbakterien sind beweglich und bilden runde Endosporen aus. Sie sind Katalase-positiv, bilden hingegen aber keine Oxidase (ALBERT et al., 2007). Die Spezies *B. arenosi*, *B. arvi* (HEYRMAN et al., 2005) und *B. neidei* (NAKAMURA et al., 2002) wurden aus dem Erdboden isoliert.

2.2.2.4.2 *Solibacillus silvestris*

Die Gattung *Solibacillus* wurde für die Umklassifizierung von *Bacillus silvestris* in *Solibacillus silvestris* begründet. Der Gattungsname setzt sich zusammen aus „soil“ für Erdboden und „*Bacillus*“, aufgrund seiner nahen Verwandtschaft zu dieser Gattung (KRISHNAMURTHI et al., 2009). *Solibacillus silvestris* ist peritrich begeißelt und strikt aerob mit einer optimalen Wachstumstemperatur von 20-30°C (RHEIMS et al., 1999). *S. silvestris* findet mittlerweile

Anwendung als Bio-Flockungsmittel zur Ernte der marinen Mikroalge *Nannochloropsis oceanica*, um im Anschluss Bioprodukte auf deren Basis herzustellen (WAN et al., 2013).

2.2.3 Andere grampositive Bakterien

2.2.3.1 Ordnung Clostridiales – Familie Clostridiaceae

2.2.3.1.1 *Clostridium* spp.

Clostridien sind obligat anaerobe Sporenbildner mit einer spindelförmigen Sporenaustreibung. Sie sind oft in Paaren oder in Ketten zusammengelagert, bei einer Größe von 0,3-2,0 x 1,5-20,0 µm. In älteren Kolonien kann die positive Gramfärbung gramlabil werden. Clostridien sind bis auf wenige Ausnahmen beweglich und kommen im Darm gesunder Menschen und Tiere, wie auch weit verbreitet in der Umwelt vor. Außerdem haben sie hämolytische und ausgeprägte proteolytische Eigenschaften, es wird jedoch keine Katalase gebildet. Die Epidemiologie der Clostridiosen wird von der Überlebenszeit der Sporen in der Außenwelt geprägt. Pathogene Spezies lösen Infektions- und Intoxikationskrankheiten aus, die anhand ihrer Pathogenese und ihrer charakteristischen Symptome in Gasödemerkrankungen, Enterotoxämien, beziehungsweise Enteritiden, und Intoxikationen durch Neurotoxine eingeteilt werden können. Das Invasionsvermögen der meisten Clostridien ist allerdings eher gering (SELBITZ et al., 2015).

Bedeutende Spezies beim Geflügel sind *Clostridium* (C.) *botulinum*, als Auslöser des Botulismus insbesondere beim Wassergeflügel und beim Huhn, sowie *Clostridium colinum* bei Huhn, Pute, Wachtel und Fasan als Erreger der ulzerativen Enteritis. *Clostridium perfringens* löst einerseits, zusammen mit *C. septicum* und *C. chauvoei* die Gasödemerkrankung aus. Andererseits ist *C. perfringens* aber auch der alleinige Erreger der nekrotisierenden Enteritis bei Huhn, Pute, Wachtel und Fasan. Dieser unbewegliche Erreger bildet durch die Toxovar A das Alpha-Toxin und durch die Toxovar C das Beta-Toxin. Die nekrotisierende Enteritis (NE) wird allerdings häufiger durch die Toxovar A verursacht. Weitere Virulenzfaktoren sind Toxine wie die Hyaluronidase, die Kollagenase und die Deoxyribonuklease. Junge Hühner, Puten und Wachteln infizieren sich über kontaminiertes Wasser, über kontaminierte Einstreu sowie über kontaminiertes Futtermittel auf horizontalem Wege. Küken können den Erreger auch über infizierte Eierschalen, Brutschränke oder Küken-Transportbehälter aufnehmen. Ein durch vorliegende Kokzidiosen, Immunsuppressionen oder eine fehlerhafte Fütterung geschädigtes Darmmikrobiom scheint essentielle Voraussetzung für die Krankheitsausbildung zu sein. Die genaue Pathogenese ist aber noch unklar. Oft kommt es zum akuten Versterben nach einer kurzen Krankheitsdauer oder zur Ausbildung unspezifischer Symptome, wie Apathie, Anorexie und Diarrhoe mit schaumig-gelblichem Kot.

Pathologisch-anatomisch stehen Veränderungen durch das Alpha-Toxin, das eine Hydrolyse der Membran verursacht, und durch das Beta-Toxin, das hämorrhagische Darmschleimhautnekrosen induziert, im Vordergrund. Betroffene Darmabschnitte sind insbesondere das Jejunum und das Ileum. Bei älteren Prozessen fällt neben einer nekrotischen Entzündung mit fibrinartigen diphteroiden Belägen des Darms eine Hepatitis mit multiplen fokalen Nekrosen auf. Histologisch wird eine Clostridienansammlung in der Lamina propria sichtbar.

Zur Absicherung der Diagnose eignet sich eine anaerobe Anzucht auf Blutagar bei 37°C, bei der eine charakteristische Doppelzonenhämolyse sichtbar wird. Eine klinisch apparente

Clostridiose kann mittels Antibiotikagabe, zum Beispiel von Tylosin oder Penicillin, therapiert werden. Auf eine ausreichende Hygiene, sowie die Verwendung von qualitativ hochwertigen Futtermitteln ist außerdem zu achten. Eine Impfung mittels Lebendimpfstoff oder Inaktivimpfstoff ist je nach Zulassung in Deutschland möglich.

Beim Menschen kommen Infektionen mit *C. perfringens* oder Lebensmittelvergiftungen durch die Aufnahme seiner Toxine A oder C über kontaminierte Lebensmittel, vor (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Clostridium baratii wurde aus dem Stuhl eines gesunden Menschen isoliert. Einige angezüchtete Stämme waren fähig, die primäre Gallensäure Chenodesoxycholsäure in Ursodesoxycholsäure zu epimerisieren. Ursodesoxycholsäure kommt normalerweise in sehr geringem Maße in der menschlichen Gallensäure vor und besitzt die Fähigkeit, kleine Gallensteine aufzulösen und bei Gallenstau die Leberfunktion positiv zu beeinflussen (LEPERCQ et al., 2004).

Nach Aufnahme toxinhaltiger Lebensmittel des Bakteriums *C. botulinum* kann Botulismus beim Menschen auftreten (SELBITZ et al., 2015). Es gibt erste Vermutungen, dass das Toxin F von *C. baratii* ebenfalls Botulismus verursachen kann (HARVEY et al., 2002).

Clostridium bifermentans wurde mittlerweile als *Paraclostridium bifermentans* reklassifiziert. Auch wenn *Paraclostridium bifermentans* grundsätzlich als apathogen angesehen wird (SASI JYOTHSNA et al., 2016), gibt es auch Hinweise auf eine Pathogenität. Dieses Bakterium kommt im Boden, im Abwasser und im Kot von Tieren vor. Sein erster Nachweis erfolgte aus dem Schlamm von Deponiesickerwasser (WONG et al., 2014). Eine andere, meist apathogene Spezies, *C. tertium*, kann insbesondere bei gestörter Magen-Darm-Mikrobiota oder bei vorliegender Neutropenie, Bakteriämien verursachen (SPEIRS et al., 1988; MILLER et al., 2001).

2.2.3.2 Ordnung Corynebacteriales – Familie Corynebacteriaceae

2.2.3.2.1 *Corynebacterium* spp.

Die Gattung *Corynebacterium* beinhaltet grampositive, Katalase-bildende, keulenförmige Stäbchenbakterien. Die Enden der geraden oder leicht gebogenen Stäbchen können auch zugespitzt sein. Unter dem Mikroskop wird eine X-, V- oder palisadenförmige Lagerung sichtbar. Diese Lagerung kommt aufgrund der sogenannten „snapping division“ der pleomorphen *Corynebacterium* zustande. *Corynebacterium* wachsen fakultativ anaerob und bilden auf Blutagar weiße, 1-2 mm große Kolonien.

Tiermedizinisch wichtige Spezies sind *C. pseudotuberculosis*, von Bedeutung bei den kleinen Wiederkäuern, sowie der *C.-renale*-Komplex, Saprophyten der Präputialschleimhaut oder Verursacher von Harnwegsinfektionen (SELBITZ et al., 2015).

Die Diphtherie des Menschen wird durch *C. diptheriae* verursacht. Seit einiger Zeit wird häufiger sowohl bei verschiedenen Tierspezies, als auch beim Menschen, *C. ulcerans*, ein Vertreter der sogenannten Diphtherie-Gruppe, nachgewiesen. Zudem wird von einigen Autoren eine Übertragung von *Corynebacterium*, zum Beispiel von *C. ulcerans*, vom Tier auf den Menschen nicht mehr vollständig ausgeschlossen (SETO et al., 2008).

2.2.3.3 Ordnung Micrococcales – Familie Micrococcaceae

2.2.3.3.1 *Micrococcus* spp.

Micrococcus ist morphologisch sehr ähnlich zu den Staphylokokken und als apathogener Kontaminant gelegentlich von diesen abzugrenzen (SELBITZ et al., 2015). Phylogenetisch sind

die Mikrokokken sehr nah verwandt mit der Gattung *Arthrobacter* (JONES und KEDDIE, 2006).

2.2.3.3.2 *Arthrobacter* spp.

Spezies der Gattung *Arthrobacter* sind weltweit ein wichtiger Bestandteil der einheimischen Bakterienmikrobiota vom Erdreich. Sie können dabei eine Vielzahl an organischen Substanzen, wie Kohlenstoffe, Nukleinsäuren und Herbizide sowie Pestizide zur Energiegewinnung verstoffwechseln. Anfängliche Schwierigkeiten bei der Klassifizierung entstanden aufgrund einer abhängig vom Alter der angezüchteten Kulturen unterschiedlichen Morphologie. So zeigen *Arthrobacter* ein gramnegatives, stäbchenförmiges Aussehen in frischen Kulturen, im Gegensatz zur grampositiven Kokkenform in älteren Anzuchten. Durch neuere Untersuchungsmethoden wurden diese Unklarheiten jedoch inzwischen gelöst. Es werden 2 verschiedene Speziesgruppen unterschieden: Auf der einen Seite *A. globiformis*/*A. citreus* und auf der anderen Seite *A. nicotianae* (ESCHBACH et al., 2003; JONES und KEDDIE, 2006). *Arthrobacter* spp. galten früher als strikte Aerobier. In den oberen Erdschichten kann es aber zu unterschiedlichen Sauerstoffspannungen bis hin zu Sauerstoffmängeln kommen, und so wurde mittlerweile auch ein Wachstum von *A. globiformis* unter anaeroben Bedingungen nachgewiesen (ESCHBACH et al., 2003). Das Temperaturoptimum der meisten *Arthrobacter* sp. liegt bei 30°C, einige Spezies wachsen auch noch bei 37°C. So auch *Arthrobacter creatinolyticus*, ein Bakterium, das nach Isolierung aus humanen Urinproben erstmals beschrieben wurde (HOU et al., 1998).

Auch wenn mittlerweile erste Spezies in humanem Probenmaterial nachgewiesen wurden, kann man aufgrund der weiten Verbreitung davon ausgehen, dass die Pathogenität von *Arthrobacter* sp. sehr gering ist (G. FUNKE et al., 1996).

2.2.3.4 Ordnung Micrococcales – Familie Brevibacteriaceae

2.2.3.4.1 *Brevibacterium* spp.

Die grampositiven Bakterien der Gattung *Brevibacterium* wurden erstmals 1953 beschrieben. Viele der ursprünglich enthaltenen, coryneförmigen Bakterienspezies wurden seitdem in andere Genera umklassifiziert (COLLINS, 2006). Sie kommen in Milchprodukten und auf der menschlichen Haut vor. Klinische Isolate verschiedener Spezies werden immer wieder nachgewiesen (GUIDO FUNKE und CARLOTTI, 1994).

2.2.3.5 Ordnung Propionibacteriales – Familie Proprionibacteriaceae

2.2.3.5.1 *Propionibacterium acnes*

Das fakultativ anaerobe, grampositive Stäbchenbakterium *Propionibacterium acnes* kommt physiologischerweise in den Talgdrüsen der Haut vor. Beim Menschen ist es Hauptverursacher der entzündlichen Akne. Außerdem bildet es Biofilme aus und spielt eine Rolle bei Infektionen nach orthopädischen Implantationen (TAFIN et al., 2012).

2.2.4 Gramnegative Stäbchenbakterien der Ordnung Enterobacteriales

2.2.4.1 Familie Enterobacteriaceae

2.2.4.1.1 *Escherichia coli*

Die ubiquitär im Darm vorkommenden, gramnegativen, geraden, 2,0-6,0 x 1,1-1,5 µm großen Stäbchenbakterien der Gattung *Escherichia* spielen eine bedeutende Rolle als Krankheitserreger bei Mensch und Tier. Die Mehrzahl der zur Familie der Enterobacteriaceae gehörenden, fakultativ anaeroben Stäbchen sind aufgrund der peritrichen Begeißelung beweglich. Von nennenswerter veterinärmedizinischer Bedeutung ist die Spezies *Escherichia (E.) coli*. Bei der Abgrenzung von *E. coli* zu den anderen Enterobakterien spielen vor allem biochemische Reaktionen eine Rolle. So sind *Escherichia* Oxidase-negativ und fähig zur Lactosespaltung (SELBITZ et al., 2015). Die Anzüchtung auf konventionellem Blutagar ist problemlos (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Einige Colistämme zeigen schleimiges Wachstum und Hämolyse. Außerdem erlauben selektive chromogene Nährböden anhand der positiven β-Glucuronidase- und β-Galactosidasereaktion, die Differenzierung von *E.-coli* von anderen Lactose-positiven coliformen Bakterien (SELBITZ et al., 2015).

Die Colibazilliose des Nutzgeflügels wird von aviär pathogenen *Escherichia-coli*-Stämmen (APEC) verursacht (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Zur Differenzierung der unterschiedlichen Stämme wurde die Serotypisierung anhand von verschiedenen Antigenen entwickelt (SELBITZ et al., 2015). Zu diesen zählen Oberflächen (O)-, Geißel (H)-, Kapsel (K)- und Fimbrien (F)-Antigene (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Die Serovarbestimmung erfolgt über die O:K:H-Seroformel. Bei APEC treten am häufigsten Colistämme der Serovaren O1:K1, O2:K1 und O78:K80 auf. Die pathogene Wirkung von *E. coli* und anderen Enterobakterien ist abhängig von Endo-, Entero- und Cytotoxinen, sowie von Adhäsionsfaktoren. Als Endotoxin versteht man das Lipid A, welches bei allen gramnegativen Bakterien als Bestandteil des Lipopolysaccharid-Komplexes der Zellwand vorkommt. Enterotoxine sind Cytotoxine, die eine spezifische Wirkung auf die Zellen des Darmepithels ausüben und dadurch Durchfälle bewirken. Man unterscheidet hitzelabile (LT) von hitzestabilen (ST) Enterotoxinen. Zusammenfassend werden diese Enterotoxin-bildenden Stämme als ETEC (enterotoxische *E. coli*) bezeichnet. Als Cytotoxine sind Hämolysine oder Shiga-Toxine (Stx) zu nennen. Diese Shiga-Toxin-bildende *E. coli* werden, wenn sie die hämorrhagische Kolitis beziehungsweise das hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) beim Menschen auslösen, als EHEC (Enterohämorrhagische *E. coli*) bezeichnet. Zu den Adhäsionsfaktoren zählen die F-Antigene und die Proteine der äußeren Membran (OMP) (SELBITZ et al., 2015).

APEC-Stämme verursachen vorwiegend extraintestinale Infektionen, wofür alle Nutzgeflügelarten empfänglich sind. Die Übertragung der ubiquitär verbreiteten Erreger erfolgt horizontal über alle denkbaren belebten und unbelebten Vektoren, sowie auch vertikal. Klinisch wird eine Vielzahl von Krankheitsbildern unterschieden. Diese treten wohl am häufigsten durch sekundär bedingte Infektionen auf. Dabei werden Coliseptikämien, beispielsweise der Respirationsorgane oder des Gesamtorganismus, von lokalen Infektionen, wie einer Omphalitis/Dottersackentzündung, einer akuten Vaginitis/Salpingitis/Orchitis/Epididymitis oder einer Entzündung des Sinus infraorbitalis unterschieden.

Die Bekämpfung gestaltet sich als schwierig. Wie immer spielen gute Hygienebedingungen eine essentielle Rolle als Prophylaxe (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Mittlerweile ist beim Huhn in Deutschland sowohl ein Lebend-, als auch ein Inaktivatimpfstoff zugelassen

(RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Die Herstellung autogener Impfstoffe ist zusätzlich möglich. Ein antibiotischer Behandlungsversuch sollte nur nach Resistenztest erfolgen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

2.2.4.1.2 *Salmonella* spp.

Salmonellen zählen weltweit sowohl in der Humanmedizin als auch in der Veterinärmedizin zu den bedeutendsten bakteriellen Infektionserregern. Die gramnegativen, fakultativ anaeroben Stäbchenbakterien sind 0,7-1,5 x 2,0-5,0 µm groß und werden aufgeteilt in 2 Spezies: *Salmonella enterica* mit sechs Subspezies und *Salmonella bongori*. Taxonomisch hat sich die Einteilung der über 2500 Serovare anhand der O- und H-Antigene nach dem Kauffmann-White-Schema bewährt. Salmonellen sind fähig, Nitrat zu Nitrit zu reduzieren, H₂S zu bilden, Propylenglykol abzubauen und Citrat als alleinige Kohlenstoffquelle zu nutzen. Sie bilden nie Hämolyse auf Blutagar und können bis auf *Salmonella* (*S.*) *enterica* ssp. *arizonae* und *S. enterica* ssp. *diarizonae*, keine Lactose abbauen. Zudem sind Salmonellen, abgesehen von wenigen Ausnahmen, wie beispielsweise *Salmonella enterica* ssp. *enterica* Serovar Gallinarum Biovar Gallinarum (*Salmonella* Gallinarum), beweglich (SELBITZ et al., 2015).

Der diagnostische Nachweis erfolgt meist nach einem definierten Schema mit nicht-selektiver Voranreicherung in Peptonwasser, anschließender selektiver Anreicherung in Rappaport-Vassiliadis Medium mit nachfolgender Nutzung von zwei verschiedenen Selektivnährböden. Salmonellen stellen keine besonderen Ansprüche an Nährmedien. Grundsätzlich ist jedes gefundene Isolat so lange als pathogen für Mensch und Tier anzusehen, bis dieses nach weiterer Bestimmung als avirulent identifiziert wurde. Als Virulenzfaktoren sind die Adhäsivität, die Invasivität, der fakultativ intrazelluläre Parasitismus, sowie die Bildung von Endo-, Cyto- und Enterotoxinen zu nennen. Salmonellen kommen meist im Darm vor und besitzen eine hohe Tenazität in der Umwelt (SELBITZ et al., 2015).

Erkrankungen durch speziesadaptierte Salmonellosen des Nutzgeflügels werden verursacht durch *Salmonella enterica* ssp. *enterica* Serovar Gallinarum Biovar Pullorum (*Salmonella* Pullorum) und *Salmonella* Gallinarum bei Hühnern, Puten, Wachteln, Perlhühnern und Fasanen, sowie zusätzlich, vor allem bei den Puten, von *S. enterica arizonae*. *Salmonella* Pullorum und *Salmonella* Gallinarum treten vorwiegend bei Hühnern auf. Beide Biovare können vertikal und horizontal übertragen werden, wobei latent infizierte Alttiere und andere belebte und unbelebte Vektoren eine Rolle bei der Übertragung spielen.

An der Pullorumkrankheit erkranken überwiegend Jungtiere. Bereits im Brutschrank können hohe Schlupfverluste auftreten oder die frisch geschlüpften Küken sind apathisch und zeigen weiße Durchfälle, die sogenannte weiße Kükenruhr, und versterben wenig später. Weniger akute Verläufe können mit Kümmerwachstum, Blindheit und Arthritiden einhergehen.

Am Hühnertyphus hingegen erkranken eher Alttiere, wobei braune Linien schwerer betroffen sind. Ein plötzlicher Abfall der Legeleistung und der Futteraufnahme, gefolgt von Apathie und einem erhöhten Wärmebedürfnis sind hinweisende Symptome. Die Tiere versterben etwa vier Tage nach Auftreten der ersten Symptome. Perakute Verläufe sind ebenfalls möglich. Die Mortalitätsrate ist nicht vorhersehbar und hängt von den genetischen Linien, dem Alter der Tiere und der Hygiene ab. In kommerziellen Zuchtbetrieben wurden in der Vergangenheit latent infizierte Tiere erfolgreich identifiziert und aus den Elternlinien ausgemerzt, sodass die vertikale Übertragung hier derzeit keine Rolle mehr spielt.

Beim kulturellen Nachweis ist wichtig, dass die beiden Biovare *Salmonella* Gallinarum und *Salmonella* Pullorum unfähig sind, H₂S zu bilden. Eine Therapie erkrankter Tiere ist nicht zu

empfehlen, da eine Erregerelimination nicht gelingt und somit latent infizierte Dauerausscheider entstehen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Laut der Geflügel-Salmonellen-Verordnung ist grundsätzlich eine Impfung gegen *Salmonella* Gallinarum und *Salmonella* Pullorum verboten (Geflügel-Salmonellen-Verordnung - GfSalmoV). Zudem liegt eine Meldepflicht für Salmonelleninfektionen vor, ausgenommen derer, für die eine Mitteilungspflicht nach §4 der Geflügel-Salmonellen-Verordnung besteht (Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten - TKrMeldpflV).

Erkrankungen durch unspezifische Salmonellen werden beim Geflügel durch verschiedene Serovare, wie beispielsweise *Salmonella* Enteritidis und *Salmonella* Typhimurium verursacht. Es erkranken nur junge Tiere, sie zeigen septikämieähnliche Symptome, wobei Immunsuppressionen eine Infektion begünstigen. Ältere Tiere haben eine bedeutende Rolle als symptomlose Überträger. Aufgrund des Zoonosepotentials besteht Mitteilungspflicht (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Beim Menschen wird zwischen mehreren Krankheitsbildern unterschieden, und zwar einerseits Typhus und Paratyphus, die als Allgemeininfektionen verlaufen und durch humanadaptierte Stämme verursacht werden, und andererseits Enteritiden, die nach Infektionsschutzgesetz meldepflichtig sind und durch nicht humanadaptierte Serovare, vorwiegend *Salmonella* Typhimurium und *Salmonella* Enteritidis, verursacht werden (SELBITZ et al., 2015).

2.2.4.1.3 *Klebsiella* spp.

Die Gattung *Klebsiella* gehört zu den Enterobakterien. Klebsiellen sind gramnegative, fakultativ anaerobe, unbewegliche Stäbchen, die sich meistens durch eine ausgeprägte Kapselbildung und durch schleimiges Koloniewachstum auszeichnen. Sie gehören zur Normalflora bei Tieren und kommen auch in der Umwelt vor (SELBITZ et al., 2015). Diese 0,3-1,5 x 1,2-3 µm großen Bakterien bewirken beim Geflügel meist sekundäre Infektionen (HINZ und BEHR, 2014). Die größte Bedeutung als Krankheitserreger bei Mensch und Tier hat *Klebsiella pneumoniae* ssp. *pneumoniae*, dessen Differenzierung anhand der 9 O-Antigene und der 77 Kapselantigenen erfolgt. Als weitere Virulenzfaktoren sind Adhäsine, das Lipopolysaccharid und die Bildung von Siderophoren und Transferrinen zur Eisenbeschaffung zu nennen (SELBITZ et al., 2015). Über die Übertragungswege und die Pathogenese liegen keine ausreichenden Erkenntnisse vor (HINZ und BEHR, 2014).

Bei Legehennen kann eine Infektion zur Salpingitis und Oophoritis führen, bei Hühnern, Puten und Straußen treten eine erhöhte Embryosterblichkeit, Dottersackinfektionen und erhöhte Jungtier-Mortalitätsraten auf. Bei erfolgreicher Isolation von *K. pneumoniae* lag allerdings immer eine primäre Infektion mit anderen Erregern vor. Die Anzucht kann auf 5 %igem Blutagar unter mikroaerophilen Bedingungen bei 37°C erfolgen, wobei das schleimige Wachstum hinweisend ist. Eine Absicherung mittels MALDI-TOF-Analyse ist möglich. Da es sich grundsätzlich immer um eine infektiöse Faktorenerkrankung handelt, stellt die Prophylaxe die beste Bekämpfungsmaßnahme dar (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Die Verabreichung von Antiinfektiva kann nach Antibiotogramm die weitere Verlustrate senken (HINZ und BEHR, 2014). *Klebsiella oxytoca* ist vor allem in der Humanmedizin bei Risikopatienten ein opportunistischer Erreger (SELBITZ et al., 2015).

2.2.4.1.4 *Raoultella* spp.

Die Abspaltung der Gattung *Raoultella* von *Klebsiella* erfolgte unter anderem aufgrund von Ergebnissen phylogenetischer Untersuchungen nach DNA-Sequenzierungen. Zu der neuen Gattung *Raoultella* zählen beispielsweise die Spezies *Raoultella* (R.) *ornithinolytica*, *R. planticola* und *R. terrigena*. Diese gramnegativen, fakultativ anaeroben, Oxidase-negativen Stäbchenbakterien wachsen als Besonderheit, im Gegensatz zu den Klebsiellen, noch bei 10°C. Zudem findet man die genannten Spezies vor allem in Pflanzen, im Boden und im Wasser. Auch in alleiniger Gegenwart von L-Sorbose als Kohlenstoffquelle können sie noch wachsen. (DRANCOURT et al., 2001)

Beim Menschen treten in seltenen Fälle Infektionen mit *R. planticola* oder *R. ornithinolytica* auf, insbesondere nach dem Verzehr von Fisch (MORAIS et al., 2009; PUERTA-FERNANDEZ et al., 2013).

Eine eindeutige Differenzierung von *Klebsiella oxytoca*, *Raoultella ornithinolytica*, *R. planticola* und *R. terrigena* mit Hilfe des MALDI-TOF gestaltet sich derzeit, aufgrund der nahen Verwandtschaft der genannten Bakterien, noch als schwierig und ist unsicher (DE JONG et al., 2013).

2.2.4.1.5 *Enterobacter* spp.

Bakterien der Gattung *Enterobacter* sind gramnegative, fakultativ anaerobe Stäbchen der Familie der Enterobacteriaceae. Sie sind Oxidase-negativ und unpigmentiert. Es sind im Augenblick 22 Spezies beschrieben, darunter *Enterobacter* (E.) *aerogenes* und die zum sogenannten *Enterobacter cloacae* Komplex zugehörigen 6 Spezies *E. cloacae*, *E. asburiae*, *E. hormaechei*, *E. kobei*, *E. ludwigii* und *E. nimipressuralis*.

Über die Virulenzfaktoren der *Enterobacter*-Spezies ist wenig bekannt. Als gramnegative Bakterien besitzen sie Endotoxine. *Enterobacter cloacae* kann, als bedeutendster Vertreter dieser Gattung, zytotoxische Enterotoxine besitzen, die Phagozyten und epitheliale Zellen des Wirts zerstören.

Enterobacter leben saprophytär in der Umwelt und sind somit im Boden und im Gewässer weit verbreitet. *E. cloacae* ist ein Kommensale des Darmtraktes von Mensch und Tier und spielt zudem eine Rolle als Pathogen bei Pflanzen und bei Insekten. Außerdem zeigt er eine zunehmende Häufigkeit als nosokomialer Erreger und bei Infektionen von Neugeborenen und wird auch bei technischen Gerätschaften oder auf Verbrauchsmaterialien nachgewiesen. Die auftretenden Krankheitsbilder sind sehr variabel und reichen von respiratorischen Symptomen bis hin zu Endokarditiden oder auch Arthritiden. Am häufigsten treten gastrointestinale Infektionen und Hautinfektionen auf. Problematisch sind die bei Vertretern des *Enterobacter-cloacae*-Komplexes häufig vorkommenden Antibiotikaresistenzen (MEZZATESTA et al., 2012).

2.2.4.1.6 *Cronobacter sakazakii*

Cronobacter sakazakii, ehemals *Enterobacter sakazakii*, ist ein 3 x 1 µm großes, motiles Stäbchenbakterium, das Oxidase-negativ ist und fakultativ anaerob am besten angezüchtet werden kann. Der Name *Cronobacter* stammt aus der griechischen Mythologie vom Titan „Cronos“, der seine eigenen Kinder aus Angst vor Entmachtung gefressen haben soll. Der Erreger ist fakultativ pathogen, kann allerdings bei Neonaten zu schweren Infektionen führen (IVERSEN et al., 2008).

Cronobacter sakazakii ist in der Umwelt und in Lebensmitteln weit verbreitet. So auch in Hühnerfleisch oder in Milchprodukten, wie auch in Milchpulver, das zur Ernährung von Neonaten verwendet wird (X. WANG et al., 2012).

2.2.4.1.7 *Citrobacter* spp.

Citrobacter spp. sind bewegliche, 1,0 x 2,0-6,0 µm große Stäbchen, deren natürliches Habitat unklar ist. Sie werden häufig aus dem Darm von Tieren isoliert. Diese Gattung umfasst derzeit 11 Spezies, wobei nur *Citrobacter rodentium*, der eine bedeutende Rolle in Mäusezuchten spielt, als obligates Pathogen gilt. Andere *Citrobacter*-Spezies treten vor allem als nosokomiale Erreger auf (SELBITZ et al., 2015).

2.2.4.1.8 *Leclercia adecarboxylata*

Die einzige derzeit gelistete Spezies der Gattung *Leclercia* heißt *Leclercia adecarboxylata*. Diese Spezies wurde früher zu den *Escherichia* hinzugezählt. Sie ist verbreitet in der Umwelt und im Essen (X. WANG et al., 2012). In seltenen Fällen werden bei immundefizienten Menschen *Leclercia* nachgewiesen, insbesondere bei polybakteriellen Infektionen. Die genaue Bedeutung als Infektionserreger ist derzeit noch unbekannt (TEMESGEN et al., 1997).

2.2.4.2 Familie Pasteurellaceae

2.2.4.2.1 *Pasteurella* spp.

Die Gruppe der Pasteurellen umfasst unbewegliche, gramnegative, kokkoide bis kurze Stäbchenbakterien, die Katalase- und Oxidasebildner sind. Sie zeichnen sich durch die parasitäre Lebensweise bei Wirbeltieren aus. Für die Serotypisierung können O- und K-Antigene genutzt werden. Zu den Virulenzfaktoren zählen die Ausbildung einer Kapsel, Proteine der äußeren Membran (OMP), Fimbrien, Neuraminidase sowie Endo- und Exotoxine. In Abklatschpräparaten, insbesondere von Organen, lässt sich das Bakterium bipolar anfärben (SELBITZ et al., 2015).

Von besonderer Bedeutung ist die Spezies *Pasteurella multocida* als Erreger der Geflügelcholera. Biochemisch werden die Subspezies *P. multocida multocida*, *P. multocida septica* und *P. multocida gallicida* bestimmt (SELBITZ et al., 2015). Bei *Pasteurella multocida* werden fünf Kapseltypen (A-F) und 16 Serotypen unterschieden, wohingegen die Kenntnisse über die unterschiedlichen Virulenzfaktoren gering sind. Empfänglich für die aviäre Pasteurellose sind Hühnervögel, wobei Puten schwerer erkranken als Hühner, sowie domestiziertes Wassergeflügel. Die Übertragung erfolgt horizontal und vorwiegend aerogen über die Schleimhäute des oberen Respirationstraktes. Perakute Verläufe können mit einer Mortalität von 80 % dramatisch verlaufen. Bei akuten Infektionen zeigen die Tiere Anorexie, gesträubtes Gefieder, Apathie, Diarrhoe, schleimig bis blutigen Nasen- und Schnabelausfluss und zyanotische Kämme und Kehllappen. Chronische Verläufe mit latenten Infektionen durch niedrig-virulente Stämme sind möglich. Hier stehen respiratorische Symptome und Schwellungen des Infraorbitalsinus, der Kehllappen, der Sohlenballen und der Bursa sternalis im Vordergrund. Durch die Beteiligung des Mittelohres und des zentralen Nervensystems kann es außerdem zu Tortikollis kommen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Als Basisnährboden zur Anzucht eignet sich konventioneller Blutagar am besten. Nach 24 h erscheinen sehr kleine, zunächst glasig-transparente Kolonien, die sich nach 48 h Bebrütung grau bis grauweiß darstellen. Die Kolonien sind konvex und glatt (NEUMEISTER et al., 2009). Ein Therapieversuch mit Erregerelimination ist fraglich erfolgreich. Ein Einzug von *P. multocida* in Geflügelhaltungen sollte durch ein gutes Hygienemanagement und eine Bestandsabschirmung versucht werden zu unterbinden (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). In Deutschland ist derzeit kein Impfstoff zugelassen (PAUL-EHRLICH-INSTITUT - BUNDESINSTITUT FÜR IMPFSTOFFE UND BIOMEDIZINISCHE ARZNEIMITTEL).

2.2.4.2.2 *Gallibacterium* spp.

Erstmals im Jahre 2003 beschrieben, umfasst die Gattung *Gallibacterium* die 4 Spezies *Gallibacterium* (*G.*) *anatis* mit den Biovarien *Anatis* und *Hämolytica*, *G. melopsittaci*, *G. trehalosifermentans* und *G. salpingitidis*. Zusätzlich werden auf Basis von phänotypischen Merkmalsausprägungen, wie Hämolyse und Zuckerverwertung, *Gallibacterium* genomspecies 1, 2 und 3, sowie *Gallibacterium* group V beschrieben (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014; SELBITZ et al., 2015).

Durch experimentelle Infektionsversuche konnte bewiesen werden, dass *G. salpingitidis* und *G. anatis* bei Legehennen Legeleistungsstörungen und Atemwegsinfektionen verursachen. Eine mögliche Pathogenität für Puten kann nicht ausgeschlossen werden.

Die Pathogenese der Erkrankungen ist weitestgehend unbekannt, wobei eine horizontale Übertragung vermutet wird. Infizierte Legehennen zeigen Apathie und eine sistierende Legeleistung. Sekundärinfektionen mit *E. coli* führen zur Verschlimmerung der Symptome. Bei der pathologisch-anatomischen Untersuchung findet man am häufigsten eine Hepatitis, eine Peritonitis und eine Salpingitis.

Die Diagnose ist mit Hilfe einer kulturellen Anzucht und anschließender Differenzierung zu stellen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). *Gallibacterium* spp. wachsen fakultativ anaerob auf Blutagar bei 37°C. Nach 24-48 h sind 1-2 mm große Kolonien sichtbar. Hämolyse zeigen alle Gallibakterien mit Ausnahme von *G. anatis* Biovar *Anatis*. Sie sind außerdem unbeweglich, Katalase-negativ und fermentieren Glucose ohne Gasbildung (SELBITZ et al., 2015). Eine Antibiotika-Gabe nach erstelltem Resistenztest oder die Anwendung von autogenen Impfstoffen sind mögliche Therapiemaßnahmen (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

2.2.4.3 Familie Morganellaceae

2.2.4.3.1 *Proteus* spp.

Proteus spp. sind stäbchenförmige, durch peritriche Begeißelung motile Bakterien mit einer Größe von 0,4-0,8 x 1,0-80,0 µm. Derzeit sind 8 Spezies bekannt, die meistens in der Umwelt weit verbreitet sind und nur vereinzelt fakturenbedingte Infektionskrankheiten verursachen. Als Virulenzfaktoren sind bei den beiden wichtigsten Vertretern, *Proteus mirabilis* und *Proteus vulgaris*, Adhäsine vom Typ IV sowie Zytotoxine von Bedeutung.

Typisches Merkmal bei der Anzucht auf Blutagar, ist das schwärmende Wachstum über den gesamten Agar bei ausreichender Feuchtigkeit.

Proteus spp. sind als Erreger nosokomialer Infektionen in Tierkliniken bekannt (SELBITZ et al., 2015). Außerdem konnte der Erreger in verschiedenen Wildvögeln nachgewiesen werden (GHAZI und AMER, 2014). Bei begünstigenden Faktoren treten bei Hühnern, Truthühnern und Enten eine erhöhte Embryonal- sowie Jungtiersterblichkeit und Omphalitiden auf (SALMON und WATTS, 2000; BARUAH et al., 2001). Bei Wachteln sind Septikämien beschrieben (SAH et al., 1983). Außerdem kommt dieser Gattung eine zunehmende Bedeutung als humanpathogener Erreger zu, wobei nachgewiesene Antibiotikaresistenzen beim Geflügel nicht außer Acht gelassen werden sollten (ABO-AMER und SHOBRAK, 2015).

2.2.4.3.2 *Providencia* spp.

Providencia (*P.*) *alcalifaciens*, *P. heimbachae*, *P. rettgeri*, *P. rustigianii* und *P. stuartii* sind die 5 Spezies, die zur Gattung *Providencia* gehören. Dabei handelt es sich um fakultativ anaerobe, gramnegative Stäbchen, die aufgrund peritricher Begeißelung motil sind. Im Gegensatz zu *Proteus* spp. zeigen sie kein Schwarmverhalten. *P. stuartii* und *P. rettgeri* treten

als Hospitalismuserreger, insbesondere bei Harnwegsinfektionen in Erscheinung, wohingegen *P. alcalifaciens* normalerweise in Kotproben nachgewiesen wird, gemeinsam mit anderen enteropathogenen Keimen. Die 3 Spezies *P. stuartii*, *P. rettgeri* und *P. alcalifaciens* wurden eindeutig als humanpathogen identifiziert (MANOS und BELAS, 2006).

2.2.4.3.3 *Morganella morganii*

Die derzeit einzige Spezies der Gattung *Morganella* heißt *Morganella (M.) morganii*. Nachgewiesen wurde dieses Stäbchenbakterium in Kotproben von gesunden Menschen, wie auch bei Hunden, Kühen und Hühnern. Auch bei vorliegenden respiratorischen Erkrankungen wurde bei Hühnern *M. morganii* nachgewiesen. Allerdings ist unklar, ob es sich dabei um eine opportunistische Besiedlung aufgrund von vorgeschädigter Schleimhaut gehandelt hat oder um eine Primärinfektion. Über die Virulenzfaktoren ist wenig bekannt (MANOS und BELAS, 2006).

2.2.4.4 Familie Hafniaceae

2.2.4.4.1 *Hafnia alvei*

Dieses gramnegative, fakultativ anaerobe Stäbchenbakterium (GÜNTARD und PENNEKAMP, 1996) ist Teil der humanen Darmmikrobiota und in der Umwelt, in Oberflächengewässern und auf Kulturpflanzen verbreitet (PODSCHUN et al., 2001).

Hafnia alvei ist ein opportunistischer Erreger bei vielen verschiedenen warmblütigen und wechselwarmen Lebewesen. Bei günstigen Umgebungsbedingungen ist eine Bildung von Biofilmen möglich (VIVAS et al., 2008). Daher ist eine nosokomiale Infektion mit *Hafnia alvei* nicht auszuschließen. Eine Infektion tritt insbesondere bei immundefizienten Menschen auf, sowie als Koinfektion mit anderen gramnegativen Stäbchenbakterien (GÜNTARD und PENNEKAMP, 1996). Die niedrige Pathogenität von *Hafnia alvei* könnte auf die geringe Expression von Virulenzfaktoren im Vergleich zu anderen klinisch wichtigen Erregern zurückzuführen sein (PODSCHUN et al., 2001).

2.2.5 Andere gramnegative Bakterien

2.2.5.1 Ordnung Aeromonadales – Familie Aeromonadaceae

2.2.5.1.1 *Aeromonas* spp.

Aeromonaden sind gramnegative, oxidasebildende, nicht-sporulierende Stäbchenbakterien. Sie sind von gerader Form und 0,3-1,0 x 3,5 µm groß. Die *Aeromonas* spp. werden in 2 Gruppen unterteilt. Die unbeweglichen, psychophilen und ausschließlich fischpathogenen Spezies werden von den monopolar-monotrich begeißelten Spezies, darunter auch *Aeromonas hydrophila* ssp. *hydrophila*, unterschieden. Dieser zuletzt genannte Keim kommt ubiquitär im Boden, wie auch weltweit im Süß-, Brack- und Meerwasser vor. Als Virulenzfaktor wird der S-Layer (engl. *surface layer*), auch Oberflächenprotein genannt, als Ursache für eine erhöhte Resistenz gegenüber den Serumkomponenten des Immunsystems in Betracht gezogen. Weitere mögliche Virulenzfaktoren sind Exotoxine, wie Hämolsine, Adhäsinen und Proteasen (SELBITZ et al., 2015). Trotz des Nachweises einiger Pathogenitätsfaktoren gilt *A. hydrophila* als Sekundärerreger.

Beim Wassergeflügel führt eine Infektion zur Septikämie, wohingegen bei Hühnern und Puten eher Durchfall, eine erhöhte Embryomortalität und lebensschwache Küken auftreten. Beim Ganter sind Phallusentzündungen bei einer vorliegenden Koinfektion mit *E. coli* beschrieben.

Die Anzucht erfolgt problemlos auf 5 %igem Blutagar bei 37°C mit anschließender biochemischer oder zytochemischer Differenzierung (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Als therapeutische Maßnahme ist die Gabe von Antibiotika, nach Erstellung eines Resistenztests, geeignet. Prophylaktisch sollte auf eine gute Tränkwasserhygiene geachtet werden, um Reinfektionen zu vermeiden (RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014).

Beim Menschen kommen überwiegend lebensmittelassoziierte Magen-Darm-Infektionen vor. Vereinzelt können auch Wundinfektionen auftreten, die meistens durch Kontakt mit infiziertem Wasser, beispielsweise beim Baden, verursacht werden. Kommt es zu Komplikationen, wie einer Sepsis, kann eine Infektion letal enden (SELBITZ et al., 2015).

2.2.5.2 Ordnung Pseudomonadales – Familie Pseudomonaceae

2.2.5.2.1 *Pseudomonas aeruginosa*

Pseudomonaden sind aufgrund ihrer polaren Begeißelung bewegliche, aerobe, 0,5-1,0 x 1,5-5,0 µm große, gramnegative Stäbchenbakterien mit Oxidase- und Katalasetätigkeit. Die meisten Spezies sind Saprophyten im Boden sowie im Süß- und Salzwasser. Medizinisch von Bedeutung ist fast ausschließlich *Pseudomonas aeruginosa*, der im Darm von Tieren und Menschen vorkommt, sich allerdings auch in der Umwelt in feuchtem Milieu ansiedeln und vermehren kann.

Als Virulenzfaktoren spielen neben Endotoxin und extrazellulären Toxinen, wie dem letal wirkenden Exotoxin A, auch Enzyme wie Hämolysin, Lecithinase, Proteasen, Elastasen, Leukozidin, und Pigmente eine Rolle. Eine von einigen Stämmen gebildete Schleimhülle hat antiphagozytäre Wirkung.

Diagnostisch verwertbar ist, dass die flachen, rauen, metallisch glänzenden Kolonien einen charakteristischen Geruch ausströmen, und auf der Blutplatte tritt außerdem Hämolyse auf. Die optimale Vermehrungstemperatur von *Pseudomonas aeruginosa* liegt bei 37°C, während einige andere Arten noch bei 4°C oder bei 46°C wachsen (SELBITZ et al., 2015). Da die Pseudomonaden weit verbreitet sind in der Umgebung, so auch beispielsweise im Tränkwasser, sind eine vorgeschädigte Haut oder Schleimhaut, zuzüglich einer hohen Erregerlast, notwendige Voraussetzungen für das Zustandekommen einer Infektion. Ein geschwächtes oder aufgrund des Alters noch unreifes Abwehrsystem steigert zudem das Infektionspotential.

Bei Wirtschaftsbeständen fallen in der Herde eine erhöhte Embryosterblichkeit und septikämisch verlaufende Erkrankungen innerhalb der ersten zwei Lebenswochen auf, die mit dem Tod enden. Einzeltiere zeigen ein leicht bis schwer reduziertes Allgemeinbefinden, verbunden mit respiratorischen Symptomen und entzündlichen Ödemen im Kopfbereich. Häufig treten auch Bewegungsstörungen, bedingt durch exsudative Gelenkentzündungen, auf. Ältere Tiere zeigen überwiegend lokalisierte entzündliche Prozesse, vor allem im Bereich des Atemtraktes und der Haut. Zur Behandlung stehen nur sehr wenige Antibiotika zur Verfügung, da *Pseudomonas aeruginosa* ein ausgeprägtes genetisches Resistenzspektrum aufweist (HINZ und BEHR, 2014).

Beim Menschen sind einige Pseudomonaden als Lebensmittelverderber und opportunistische Eitererreger bekannt. *Pseudomonas aeruginosa* ist ein gefürchteter Hospitalismuserreger, da er ausgeprägte Resistenzen gegen Desinfektionsmittel und Antibiotika aufweist (SELBITZ et al., 2015).

2.2.5.3 Ordnung Pseudomonadales – Familie Moraxellaceae

2.2.5.3.1 *Acinetobacter* spp.

Zur Gattung *Acinetobacter* werden zurzeit 40 klassifizierte Spezies gezählt. Die Mehrzahl dieser Arten wurde bisher ausschließlich in der Umwelt, im Erdboden, in Pflanzen und im Oberflächengewässer nachgewiesen. Einige humanpathogene Arten sind bekannt, darunter *Acinetobacter* (A.) *baumannii*, *A. johnsonii* oder auch *A. junii*. Die größte Bedeutung besitzt *A. baumannii*, eine auch tierpathogene Spezies. *Acinetobacter* sind gramnegative Stäbchenbakterien, die strikt anaerob wachsen und je nach Kultivierungsbedingungen in kleineren, kokkoiden Formen von 0,7-1,0 µm auftreten. Sie sind unbeweglich, Katalase-positiv und Oxidase-negativ. Das Temperaturoptimum liegt bei 33-35°C, pathogene Arten wachsen auch noch bei 41°C.

Die Virulenzfaktoren sind nicht eindeutig bekannt, allerdings sind einige Arten zur Bildung einer Polysaccharidkapsel fähig. Im Zusammenspiel mit anderen Proteinen, wie Fimbrien, ist eine Biofilmbildung unter günstigen äußeren Bedingungen möglich. Infizierte Tiere sind häufig symptomlos. Mögliche durch *A. baumannii* verursachte Erkrankungen sind Wundinfektionen, Phlegmone, bis hin zu einer Perikarditis oder einer Sepsis. Beim Menschen sind *Acinetobacter* spp. opportunistische, dann allerdings gefürchtete, multiresistente Erreger (SELBITZ et al., 2015).

Insbesondere das Einbringen in die Lebensmittelkette durch kontaminierte Gewässer, über Nutz- und Haustiere als latente Träger oder über die Ausscheidungen von Wildvögeln, stellt ein zunehmendes Risiko dar (GUERRA et al., 2014; DAHIRU und ENABULELE, 2015).

2.2.5.3.2 *Psychrobacter phenylpyruvicus*

Die Gattung *Psychrobacter* umfasst gramnegative, unbewegliche Kokken, die sowohl halotolerant als auch psychrotolerant sind. So kommen diese Bakterien in terrestrischen und in marinen Regionen bis in die Antarktis, vor (BOWMAN et al., 1996).

Humaninfektionen bedingt durch *Psychrobacter* sind sehr selten, wobei Infektionen mit *Psychrobacter* (P.) *immobilis* und *P. phenylpyruvicus* (früher *Moraxella phenylpyruvica*) beschrieben sind. *P. phenylpyruvicus* wurde außerdem im Urogenital- sowie im Gastrointestinaltrakt von Tieren nachgewiesen. Allerdings handelt es sich dabei um Nachweise ohne erkennbaren Zusammenhang mit klinischen Erkrankungen (A. I. VELA et al., 2003).

2.2.5.4 Ordnung Flavobacteriales – Familie Flavobacteriaceae

2.2.5.4.1 *Wautersiella falsenii*

Erst 2006 neu klassifiziert wurde die Gattung *Wautersiella*. Diese gramnegativen Stäbchen wachsen aerob bei 20-37°C auf Standardnährböden wie dem Blutagar.

Wautersiella falsenii ist sehr nah verwandt mit *Empedobacter brevis*. Die 26 zur Klassifizierung verwendeten Isolate stammten aus verschiedenen, humanklinischen Laboren und wurden innerhalb von 24 Jahren gesammelt. Nachweise erfolgten dabei aus Blutproben, Wunden oder auch aus dem Respirationstrakt (KÄMPFER et al., 2006).

2.2.5.4.2 *Myroides* spp.

Flavobacterium odoratum wurde reklassifiziert, wodurch die Gattung *Myroides* entstand (VANCANNEYT et al., 1996). *Myroides* spp. sind unbewegliche, gramnegative Stäbchen, die aerob wachsen und eine gelbe Pigmentierung zeigen.

Mitglieder dieser Gattung sind in der Umwelt, insbesondere im Wasser weit verbreitet. Als seltene opportunistische Erreger können sie in geschwächten oder stark immunsupprimierten Individuen Infektionen auslösen. *Myroides odoratimimus* und *Myroides odoratus* sind als Spezies zu nennen. Eine Biofilmbildung, möglicherweise aufgrund der Fähigkeit zur Auto- oder Koaggregation, ist beschrieben (BENEDETTI et al., 2011).

2.2.5.5 Ordnung Burkholderiales – Familie Alcaligenaceae

2.2.5.5.1 *Alcaligenes* spp.

Alcaligenes spp. sind gramnegative, stäbchen- bis kugelförmige Bakterien mit einer Größe von 0,5-0,6 x 1,2-2,6 µm. Sie kommen meist einzeln vor und haben ein Temperaturoptimum von 20-37°C. *Alcaligenes* sind peritrich begeißelt und können Flagellaten aufweisen. Die meisten Arten sind obligat aerob, wobei einige Vertreter in Anwesenheit von Nitrat oder Nitrit anaerob wachsen können. Neben einem ubiquitären Vorkommen im Wasser und im Erdreich (HENDRIE et al., 1974), sind opportunistische Infektionen beim Menschen möglich (TAN et al., 2002; AISENBERG et al., 2004).

Alcaligenes faecalis wurde bei akuten Infektionen des oberen Respirationstrakts aus Hühnern (SIMMONS et al., 1981), aber auch bei Rhinotracheitiden aus Truthühnern in Kanada und Deutschland isoliert (SAIF et al., 1980). Die Hühner zeigten Konjunktivitiden, Nasenausfluss und rasselnde Atemgeräusche (SIMMONS et al., 1981). Die Puten hatten außerdem eine übersteigerte Mukusproduktion, Schnabelatmung und Kopfdeme (SAIF et al., 1980).

2.2.5.6 Ordnung Sphingobacteriales – Familie Sphingobacteriaceae

2.2.5.6.1 *Sphingobacterium spiritivorum*

Sphingobacterium (*S.*) *spiritivorum* gilt als charakteristischer Vertreter dieser Gattung, mit dem besonderen Merkmal eines hohen Anteils an Sphingophospholipiden in der Zellwand (NAKA et al., 2003). *Sphingobacterium* spp. sind gramnegative, Katalase-bildende, aber nicht sporenbildende Stäbchenbakterien. Die Anzucht erfolgt problemlos ohne notwendigen Zusatz von Wachstumsfaktoren. Die nachgewiesenen Isolate stammen aus humanem Probenmaterial und aus Krankenhäusern (YABUUCHI et al., 1983).

Sphingobacterium spp. sind normalerweise in der Umwelt ubiquitär verbreitet und verursachen selten, und zwar bei immungeschwächten Individuen, Infektionen. In diesen Fällen wird vorrangig *S. multivorum* isoliert (KOH et al., 2013).

2.3 Das MALDI-TOF

2.3.1 Die Massenspektrometrie

Das Prinzip der Massenspektrometrie (MS) beruht auf einer Ionisation der zu untersuchenden Moleküle mit nachfolgendem Zerfall der gebildeten Ionen. Der Ionisierungsvorgang erfolgt am häufigsten durch Bombardement mit Elektronen ausreichender Energie. Bei der Desorptionsionisation, die für thermisch nicht belastbare oder unverdampfbare Verbindungen verwendet wird, werden die Ionen unmittelbar aus der kondensierten Phase in die Gasphase überführt. Mit Hilfe der Laser-Desorption wird die notwendige Energie auf die zu untersuchende Substanz, die ihrerseits in einer Matrix gelöst ist und sich auf einem Metalltarget befindet, mittels eines gepulserten Laser-Strahls erzeugt.

Um die erzeugten Ionen unterschiedlicher Massen zu trennen und zu registrieren, werden diese durch ein Abstoßungspotential aus der Ionisierungskammer herausgeführt und durch ein Potentialgefälle von einigen Kilovolt beschleunigt. Dies erfolgt in den meisten Massenspektrometern mit Hilfe eines Magnetfeldes.

Das Verfahren der Flugzeit-Massenspektrometer beruht auf dem Prinzip der unterschiedlichen Flugzeitdauer für eine bestimmte Strecke, je nach Masse der zu untersuchenden Ionen. Je größer die Masse, desto länger ist die benötigte Zeit, wobei die zeitlichen Unterschiede im Größenbereich von 10^{-7} s variieren.

Die Differenzierung der untersuchten Moleküle erfolgt also anhand des Masse- zu Ladungsverhältnisses (m/z -Wert). Bei der computergestützten Datenverarbeitung erhält man beispielsweise ein XY-Diagramm, wo auf der x-Achse der m/z -Wert und auf der y-Achse die Intensität der detektierten Ionen angezeigt wird (ZELLER, 1996).

2.3.2 Das MALDI-TOF Verfahren

Die Methode der Matrix-Assistierten Laser-Desorption-Ionisation (MALDI) wurde erstmals 1987 beschrieben (KARAS et al., 1987; TANAKA et al., 1988). Seitdem entwickelt sich die MALDI-TOF Massenspektrometrie rasant weiter und hat Einzug in die alltägliche Labordiagnostik erhalten (Z. WANG et al., 1998; CROXATTO et al., 2012; A. E. CLARK et al., 2013). Das MALDI-TOF kombiniert die Matrix-Assistierte Laser-Desorption-Ionisation mit der Flugzeitanalyse (engl. time of flight, TOF) (NEVILLE et al., 2011). Mit der MALDI-TOF MS lassen sich sowohl Bakterien oder Pilze durch die Untersuchung einer Agarkolonie, als auch Blut- und Urinproben, Liquor cerebrospinalis und extrahierte Proteine untersuchen.

Das zu untersuchende Material wird auf einen Probenhalter, das sogenannte Target, verbracht und mit einem Überschuss einer gesättigten, niedermolekularen organischen Lösung, der Matrix, überschichtet. Während des Trocknungsprozesses erfolgt eine Kokristallisation. Die verwendeten Matrices erlauben das Herauslösen von Ionen aus großen, nichtflüchtigen, thermolabilen Substanzen, wie beispielsweise Proteinen.

Je nach der Natur der zu untersuchenden Materie kommen unterschiedliche Matrices zum Einsatz (A. E. CLARK et al., 2013). Als Goldstandard zur Diagnostik von Peptiden hat sich α -Cyano-4-Hydroxy-Zimtsäure (CHCA) bewährt. Zusätzlich werden auch einige Derivate dieser Substanz verwendet (JASKOLLA et al., 2008). Bei aufgereinigten Proteinen wird häufig die Sinapinsäure (SA) eingesetzt, da sie die Entstehung photochemischer Addukte reduziert, die die Detektion der Molekülmassen erheblich stören (BEAVIS et al., 1989). 2,5-Dihydroxy-Benzoessäure (DHB) kommt bei der Messung von Oligosacchariden, Kohlenhydraten und

Glykopeptiden sowie bei Proteinen und Peptiden unter 10 kDa zum Einsatz (A. E. CLARK et al., 2013).

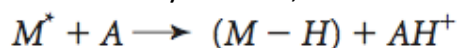
Die sanfte Bestrahlung („soft ionisation“) erfolgt durch einen Laser auf einer kleinen Fläche des Matrix-Proben-Gemischs und während eines möglichst kurzen Zeitraumes, um eine Schädigung der Probe durch Hitzeeinwirkung zu verhindern. Es werden meistens UV-Laser verwendet, wobei am häufigsten Stickstofflaser mit einer Wellenlänge von 337 nm zum Einsatz kommen, gefolgt von Gaslasern. Die Laserphotonen liefern sowohl der Matrix als auch dem Probenmaterial die notwendige Energie zum direkten Übergang vom festen in einen gasförmigen Zustand, ohne dazwischenliegende flüssige Phase, so dass ein Ionengemisch entsteht. Der genaue Ionisationsmechanismus ist derzeit noch unbekannt (A. E. CLARK et al., 2013). Einigkeit herrscht zurzeit über die Tatsache, dass zwei verschiedene Schritte während der Gasphase stattfinden: eine zunächst ablaufende Ionisation der Matrix und eine sich anschließende Ionisation des Analyten (MOLIN et al., 2012). Für die Art und Weise, wie die Ionisation des Analyten, also des zu untersuchenden Probenmaterials erfolgt, wird derzeit die „energy pooling“ Theorie als am zutreffendsten angesehen.

Nach dieser „energy pooling“ Theorie entstehen in einem ersten Schritt ein angeregtes, positivgeladenes Matrixmolekül, ein Matrixmolekül im Ruhezustand und ein freies Elektron durch die Weitergabe von einem absorbierten Photon zwischen zwei angeregten Matrixmolekülen.



(M: Matrixmolekül; M*: angeregtes Matrixmolekül; M⁺: positivgeladenes Matrixradikal; 2hν: Laserenergie; e⁻: Elektron)

In einem zweiten Schritt findet ein Protonentransfer von einem angeregten Matrixmolekül auf den Analyten statt, wobei dieser ionisiert wird.



(M*: angeregtes Matrixmolekül; A: Analyt; H⁺: Proton)

Da mehrere Matrixmoleküle benötigt werden, um ein Matrixkation entstehen zu lassen, kann die Ionisierung entsprechend der „energy pooling“ Theorie nur stattfinden, wenn die Matrixmoleküle in der festen Phase auf dem Target eng beieinanderliegen und zusätzlich während der Gasphase Matrixaggregate entstehen (KARBACH und KNOCHENMUSS, 1998).

Die so entstandenen Ionen müssen anschließend im Massenspektrometer identifiziert werden (A. E. CLARK et al., 2013). Dabei ist die Flugzeit direkt proportional zu dem Masse- zu Ladungsverhältnis. Schwerere Ionen haben bei gleicher Ladung also eine längere Flugzeit als leichtere Ionen, was eine Auftrennung anhand der Masse erlaubt (COTTER und RUSSELL, 1998; A. E. CLARK et al., 2013). Die entstandenen Massenspektren werden unter Einbeziehung der Frequenz, Position und Intensität ihrer Peaks analysiert. Die Auswertung erfolgt anhand einer Datenbank von BioTyper (Bruker Daltoniks) mit dem darin enthaltenen Referenzspektrum (MSP, „main spectra“) für den jeweiligen Analyten. Das MSP entsteht für jeden einzelnen Analyten aus repetitiven Einzelmessungen. Zudem hat man bei BioTyper die Möglichkeit, eigene Referenzspektren zu erstellen und die Datenbank somit zu erweitern. Die Identifizierung der zu untersuchenden Probe erfolgt mittels der entsprechenden Herstellersoftware am PC (A. E. CLARK et al., 2013).

2.3.3 Einsatz in der Labordiagnostik

Im Vergleich zu konventionellen Identifikationstechniken, die auf phänotypischen- oder PCR-basierten Methoden aufbauen, ist der Preis zur Identifikation jeder Spezies in etwa gleich teuer bei Verwendung des MALDI-TOF. Die Identifikation eines Isolates kostet je nach Autor etwa 30 % des Preises, der bei Nutzung konventioneller Methoden anfällt, auf jeden Fall aber mindestens weniger als die Hälfte im Vergleich zu den herkömmlichen phänotypischen Identifizierungstechniken. Dies liegt insbesondere auch an dem niedrigen Preis der verwendeten Reagenzien (SENG et al., 2009; CHERKAOUI et al., 2010; NEVILLE et al., 2011). Auch wenn der Anschaffungspreis eines Massenspektrometers mit Flugzeitanalyse vergleichbar ist zu dem anderer standardmäßig verwendeter Laborgeräte, wie denen zur Anwendung der 16S rRNA-Gen-Sequenzierung oder den automatisierten Blutkulturgeräten, so sind die Instandhaltungskosten des MALDI-TOF's um einiges geringer (CHERKAOUI et al., 2010).

Hinzu kommt die Zeitersparnis dieser Differenzierungsmethode, so dass die Ergebnisse 20 h früher vorliegen (NEVILLE et al., 2011) als bei herkömmlichen Testverfahren bei denen es nach Isolierung der Bakterien noch 24 - 36 h bis zur Ergebnisfindung dauert (SENG et al., 2009; CHERKAOUI et al., 2010). Eine Erklärung hierfür ist die geringe Menge an benötigtem Probenvolumen (CHERKAOUI et al., 2010) und dementsprechend auch die geringere Anzahl an benötigten Subkulturen (BIZZINI und GREUB, 2010). Eine frische Bakterienkolonie entnommen von einer Brutplatte mit Bakterien mit intakter Zellwand ist ausreichend für die Differenzierung mittels Massenspektrometer. Die notwendigen Protokolle zur Differenzierung sind zudem leicht zu erlernen (SENG et al., 2009).

Die Reproduzierbarkeit der erhaltenen Spektren könnte ein Problem darstellen, da viele Parameter das Massenspektrum der Analyten beeinflussen (Z. WANG et al., 1998). Das verwendete MALDI-TOF und die verwendete Matrix, das Alter der Bakterienkolonien, sowie das Kulturmedium und die Inkubationsbedingungen, oder auch das Verhältnis Matrix zu Analyt können einen Einfluss haben (VALENTINE et al., 2005). Nichtsdestotrotz haben zahlreiche Untersuchungen gezeigt, dass identische Bakterien unter verschiedensten experimentellen Bedingungen eine Anzahl an identischen und für die Differenzierung notwendigen Massenpeaks behalten (Z. WANG et al., 1998; WELHAM et al., 1998).

Wie jede Identifizierungsmethode hat das MALDI-TOF Grenzen. Die größte Barriere stellt zumindest bei einigen Anwendungen derzeit noch das Fehlen von einer ausreichenden Zahl an Referenzspektren dar. So konnte in Studien gezeigt werden, dass mit konventionellen Methoden nicht identifizierbare Bakterien größtenteils aufgrund fehlender Einträge in der Datenbank, ebenfalls nicht mit dem MALDI-TOF identifiziert werden konnten (BIZZINI et al., 2011).

Hinzu kommen Probleme bei der Identifizierung sehr nah verwandter Bakterienspezies, wie beispielsweise Spezies der Gattung *Acinetobacter* (ŠEDO et al., 2013) oder *Streptococcus*. So wurde *Streptococcus pneumoniae* häufig nicht als solches erkannt, sondern fälschlicherweise als nah verwandte Spezies *Streptococcus parasanguinis* differenziert. Nach Hinzufügen zusätzlicher Referenzspektren von *S. pneumoniae* wurde dieses Problem gelöst (SENG et al., 2009).

Außerdem sollten die Ergebnisse stets von fachkundigem Laborpersonal, sowie in Zusammenhang mit einer akkuraten, standardisierten Probenvorbereitung und unter Einbeziehung zusätzlicher Aspekte, wie der Kolonienmorphologie, beurteilt werden (NEVILLE

et al., 2011; CROXATTO et al., 2012). Dann kann eine zuverlässige und reproduzierbare Differenzierung stattfinden (SAENZ et al., 1999).



Das MALDI-TOF-Verfahren stellt also im Vergleich zur Verwendung von konventionellen Techniken eine schnelle, kostengünstige und zuverlässige Alternative zur Identifizierung klinisch relevanter Bakterien dar (CHERKAOUI et al., 2010; BENAGLI et al., 2011).

III. MATERIAL UND METHODEN

3.1 Material


3.1.1 Fragebogen

Alle Studienteilnehmer haben einen einseitigen Fragebogen (Abbildungen 9 - 11) zum Ausfüllen erhalten.

LUDWIG-
MAXIMILIANS-
UNIVERSITÄT
MÜNCHEN

KLINIK FÜR
VÖGEL, KLEINSÄUGER, REPTILIEN UND ZIERFISCHE
LEITER: UNIV.-PROF. DR. RÜDIGER KORBEL
ZENTRUM FÜR KLINISCHE TIERMEDIZIN
TIERÄRZTLICHE FAKULTÄT



Fragebogen

Anschrift:

E-Mail:

Gehaltene Tierarten:

Hühner: ☐ Enten: ☐ Gänse: ☐ andere Vögel:

Anzahl gehaltener Tiere:

Hühner: Enten: Gänse: Andere:

Ausschließlich Stallhaltung: ☐ Größe des Stalles: ~

Weidehaltung mit Unterstand: ☐ Größe der Weide: ~

Gewässer vorhanden: Ja ☐ Nein ☐

Abbildung 9: Fragebogen Teil I

Abgefragt wurde die Art der gehaltenen Tiere mit der jeweiligen Anzahl. Diese variierte allerdings während der Studiendauer, je nach Zuchtbestrebungen der einzelnen Halter und dem jeweiligen Zuchterfolg. Bei der Haltungsabfrage lag der Interessensschwerpunkt auf dem Kontakt zu möglichen parasitären Zwischenwirten und zu Wildtierausscheidungen, sowie auf der ungefähren Besatzungsdichte im Hinblick auf Stress, Infektionsdruck und Bewegungsmöglichkeiten zum Ausleben der natürlichen Bedürfnisse, wie Scharren, mit dem damit einhergehenden Wohlbefinden der Tiere.

Außerdem wurden Informationen zur Fütterung eingeholt, da sie unter anderem für die Zusammensetzung des Darmmikrobioms von Relevanz ist.

Fütterung: Legemehl: ☐ Körnerfutter: ☐ Obst/Gemüse: ☐ Küchenabfälle: ☐

Sonstiges:

Kokzidiostatikum im Futter: Ja ☐ Nein ☐

Bekannte Erkrankungen:

Vorbehandlungen:

Impfungen und verwendeter Impfstoff:

Impfabstände:

Abbildung 10: Fragebogen Teil II

Für die parasitologischen Untersuchungen von Bedeutung war eine vorangegangene Verabreichung von Kokzidiostatika mit dem Futter. Bekannte Erkrankungen und damit zusammenhängende Vorbehandlungen mit Antibiotika oder Antiparasitika wurden ebenfalls abgefragt.

Letzter Zukauf (TT/MM/JJJJ):

Todesfälle:

Andere Probleme:

Durchfall: ☐ Federpicken: ☐ Federverlust/kahle Stellen/verzögerte Mauser: ☐

Windeier, schlecht beschaltete Eier, auffällige Eischale: ☐ Lahmheiten: ☐

Augen-/Nasenausfluss: ☐ häufigeres Niesen: ☐ Atemgeräusche: ☐



Dienstgebäude
Sonnenstr. 18
85764 Oberschleißheim

Öffentliche Verkehrsmittel
S – Bahn S1 – Haltestelle Oberschleißheim
Bus 292 – Haltestelle Veterinärstraße

Bayerische Landesbank München
Kto. 24 868 BLZ 700 500 00
UST-IdNr. DE 811 205 325

Abbildung 11: Fragebogen Teil III

Den Abschluss des Fragebogens bildete eine Aufzählung einiger Symptomkomplexe, die von den Tierhaltern nicht unbedingt als akute Erkrankungen angesehen werden, aber wichtige Hinweise auf vorliegende Probleme im Bestand liefern können.

3.1.2 Herkunft und Anzahl der untersuchten Kotproben

In die Studie wurden Sammelkotproben einbezogen, die über 3 Tage von den Studienteilnehmern selbst gesammelt und anschließend persönlich übergeben oder per Post eingeschickt wurden. Insgesamt haben 61 Personen teilgenommen. Von diesen 61 Teilnehmern waren 29 Personen Mitglieder in einem Zuchtverein, nachfolgend als Hobbyzüchter bezeichnet, während 32 Personen, im Folgenden Hobbyhalter genannt, keinem solchen Verein angehörig waren. Einige Teilnehmer waren zudem Kunden der Klinik für Vögel.

Die Teilnehmer stammten überwiegend aus dem Raum Südbayern, also aus Schwaben, Ober- und Niederbayern (Abbildung 12).

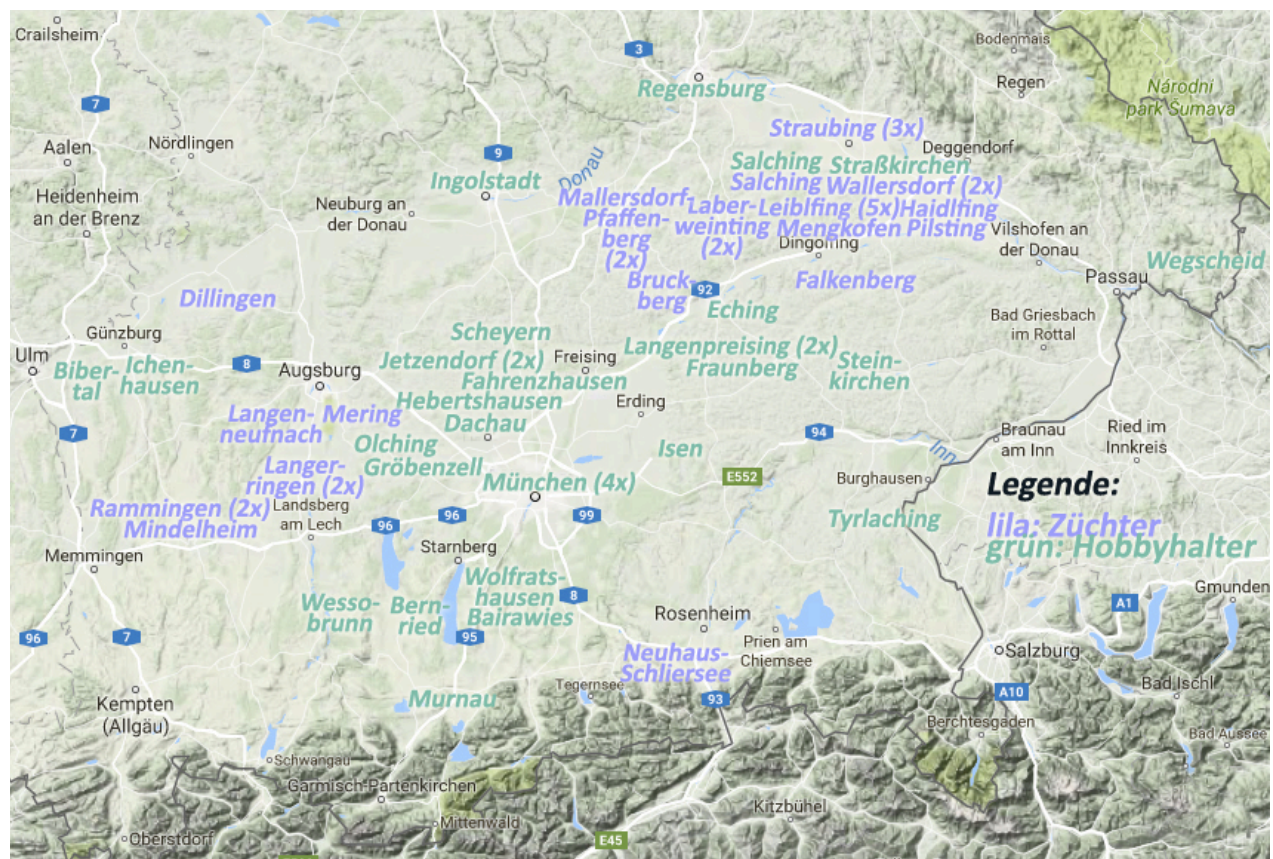


Abbildung 12: Herkunft der Studienteilnehmer
(Quelle: Google Maps mit eigener Überarbeitung; Karte nicht maßstabgetreu)

Der Untersuchungszeitraum erstreckte sich vom 24. Juli 2017 bis zum 02. September 2017. Die Kotproben wurden für die statistische Auswertung nicht auf Teilnehmerebene zusammengefasst, sondern auf Bestandsebene. Als Bestände definiert und beurteilt wurden in der vorliegenden Studie jeweils gemeinsam gehaltene Gruppen von Tieren der gleichen Art, aber auch einzelne Tiergruppen der gleichen Art, die nach Rasse oder Alter getrennt gehalten wurden.

Insgesamt wurden Kotproben von 70 verschiedenen Haushühnerbeständen, von einem Perlhühner- und einem Pfauenbestand sowie von 2 Beständen bestehend aus einer gemischten Puten- und Perlhühnerhaltung untersucht. Beim Wassergeflügel nahmen 2 Bestände mit einer gemischten Enten- und Gänsehaltung sowie 7 Enten- und 3 Gänsebestände teil.

3.1.3 Material für die parasitologische Untersuchung

3.1.3.1 Material für die Nativausstriche

Deckgläschen	VWR International GmbH (Darmstadt), 631-1331
Doppelspatel	VWR International GmbH (Darmstadt), 231-0041
Lichtmikroskop	Leica Microsystems GmbH (Wetzlar), Leitz Laborlux S, 020-505.030
Mikroskopbeleuchtung, Stromversorgung	Leica Microsystems GmbH (Wetzlar), Leitz, Typ 301-314.001
Natriumchlorid-Tabletten, 9 g	Merck KGaA (Darmstadt), 1064041000
Objektträger mit Mattrand	Henry Schein VET GmbH (Hamburg), 9002573
Pasteurpipetten	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2850

3.1.3.2 Material für die Flotation

Aluminiumfolie, Stärke 30 µm	Carl Roth GmbH + Co. KG (Karlsruhe), 2596.1
Aräometer, 1200 - 1400 g/l	VWR International GmbH (Darmstadt), 614-1520
Becherglas, 100 ml	VWR International GmbH (Darmstadt), 213-1623
Becherglas, 5 l	VWR International GmbH (Darmstadt), 222-1645
Bunsenbrenner	Carl Friedrich Usbeck KG (Radevormwald)
Deckgläschen	VWR International GmbH (Darmstadt), 631-1331
Doppelspatel	VWR International GmbH (Darmstadt), 231-0041
Gewindeflasche, braun	VWR International GmbH (Darmstadt), 215-3844
Impföse Edelstahl, Ø 5 mm	neoLab Migge GmbH (Heidelberg), 1-2117
Laborflasche, enghalsig braun, 5 l	VWR International GmbH (Darmstadt), 215-2330
Lichtmikroskop	Leica Microsystems GmbH (Wetzlar), Leitz Laborlux S, 020-505.030
Magnetrührstäbchen, rund	VWR International GmbH (Darmstadt), 442-0485
Messzylinder, 100 ml	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-4403
Mikroskopbeleuchtung, Stromversorgung	Leica Microsystems GmbH (Wetzlar), Leitz, Typ 301-314.001
Mörser, 170 ml	VWR International GmbH (Darmstadt), 410-0112P
Objektträger mit Mattrand	Henry Schein VET GmbH (Hamburg), 9002573
Pistill	VWR International GmbH (Darmstadt), 410-0119
Reagenzgläser, 160 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), 212-1116
Sieb, Maschenweite ~ 860 µm	<i>handelsübliches Teesieb</i>
Waage, mechanisch	OHAUS Europe GmbH (Greifensee, Schweiz), Harvard Trip Balance - 2 kg/5 lb
Zentrifuge	Andreas Hettich GmbH & Co. KG (Tuttlingen), Rotofix 32A
Zinksulfatheptahydrat, 5 kg	Merck KGaA (Darmstadt), 1.08883.5000

3.1.3.3 Herstellung der Zinksulfat-Lösung

In einem 5 l großen Plastikbecherglas wurden ca. 2 l VE-Wasser eingefüllt, mit einem Magnetrührstäbchen versehen und auf einen elektrischen, beheizbaren Magnetprüher gestellt. Anschließend wurde so viel Zinksulfat darin aufgelöst, bis eine Dichte von 1,38 kg/l erreicht war. Diese wurde mit Hilfe eines Aräometers bestimmt. Die fertige Zinksulfat-Flotationslösung wurde in eine sterile, enghalsige braune Laborflasche abgefüllt.

3.1.4 Material für die bakteriologische Untersuchung

3.1.4.1 Aerobe und anaerobe Anzucht

3.1.4.1.1 Verwendete Nährböden

Blut-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PB5039A
Columbia CNA-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PB5049A
EMB-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), Levine modifiziert, PO5045A

Die verwendeten Nährböden wurden bis zu ihrem Gebrauch bei +2 - +6 °C im Kühlschrank gelagert.

3.1.4.1.2 Verdünnungsreihe

Peptonwasser: Material & Herstellung

Difco Buffered Peptone	Becton Dickinson GmbH (Heidelberg), 218105
Magnetrührstäbchen, rund	VWR International GmbH (Darmstadt), 442-0485
Magnetrührer	IKA®-Werke GmbH & Co. KG (Staufen), Typ RCT
Erlenmeyerkolben, 2 l, enghalsig	VWR International GmbH (Darmstadt), 214-0471
Erlenmeyerkolben, 250 ml, mit Schraubverschluss	VWR International GmbH (Darmstadt), 214-0410
Reagenzgläser, 160 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), 212-1116
Steristopfen	VWR International GmbH (Darmstadt), HERE1011400
Standauteklav	Systec GmbH (Linden), Modell V-95
Waage, transportabel	OHAUS Europe GmbH (Greifensee, Schweiz), Compact CS200, 611-4341
Dispenser	BRAND GMBH + CO KG (Wertheim), Dispensette® III Analog, 4700140

Zur Herstellung des Peptonwassers wurden 20 g des Difco Buffered Peptone in einen Erlenmeyerkolben gegeben und 1 l VE-Wasser beigelegt. Anschließend wurde diese Mischung mit einem Magnetrührstäbchen versehen und bis zur vollständigen Lösung des Peptons auf dem Magnetrührer belassen. Mittels Dispenser wurden dann jeweils 9 ml in Reagenzgläser abgefüllt, mit einem Steristopfen verschlossen und anschließend autoklaviert.

Weiteres Material

Aluminiumfolie, Stärke 30 µm	Carl Roth GmbH + Co. KG (Karlsruhe), 2596.1
Bunsenbrenner	WLD-TEC GmbH (Arenshausen), Gasprofi 2 SCS
Doppelspatel	VWR International GmbH (Darmstadt), 231-0041
Drigalskispatel, Edelstahl	VWR International GmbH (Darmstadt), 231-2185
Ethanol, 96 %	Carl Roth GmbH + Co. KG (Karlsruhe), T171.2
Mikroliterpipette	Gilson International B.V. Deutschland (Limburg- Offheim), PIPETMAN® G P200G, F144058M
Messpipetten, 1 ml	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 27002
Mobile Pipettierhilfe	BRAND GMBH + CO KG (Wertheim), Integra Pipetboy 2

Pipettenbüchse	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2065
Pipettenspitzen, gelb	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 739296
Reagenzglasgestell, 3 x 12	VWR International GmbH (Darmstadt), 212-6425
Reagenzschüttler RS-VA 10	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), PX88.1
Waage, transportabel	OHAUS Europe GmbH (Greifensee, Schweiz), Compact CS200, 611-4341
Watteschnur	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 28205

Bebrütung

Anaerobierbeutel	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 96124
Anaerobierbox	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 96127
Anaerobiertüte	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 45534
Indikator Stripes	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 96118

3.1.4.2 Salmonellen-Anreicherung

3.1.4.2.1 Peptonwasser: Material & Herstellung

Difco Buffered Peptone	Becton Dickinson GmbH (Heidelberg), 218105
Dispenser	BRAND GMBH + CO KG (Wertheim), Dispensette® III Analog, 4700140
Erlenmeyerkolben, 250 ml, mit Schraubverschluss	VWR International GmbH (Darmstadt), 214-0410
Erlenmeyerkolben, 2 l, enghalsig	VWR International GmbH (Darmstadt), 214-0471
Laborflasche GL 45	VWR International GmbH (Darmstadt), 215-1514
Magnetrührer	IKA®-Werke GmbH & Co. KG (Staufen), Typ RCT
Magnetrührstäbchen, rund	VWR International GmbH (Darmstadt), 442-0485
Messzylinder, 100 ml	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), Y307.1
Messzylinder, 1 l	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), Y310.1
Reagenzglasgestell, 3 x 12	VWR International GmbH (Darmstadt), 212-6425
Waage, transportabel	OHAUS Europe GmbH (Greifensee, Schweiz), Compact CS200, 611-4341

Zur Herstellung des Peptonwassers wurden 20 g des Difco Buffered Peptone abgewogen und in einen Erlenmeyerkolben gegeben. Nach Zugabe von 1 l VE-Wasser und einem Magnetrührstäbchen wurde der Kolben bis zur vollständigen Lösung des Peptons auf dem Magnetrührer belassen. Mittels Messzylinder wurden dann jeweils 90 ml abgemessen und in Laborflaschen mit Schraubverschluss abgefüllt und autoklaviert.

3.1.4.2.2 Rappaport-Vassiliadis Flüssigmedium: Material & Herstellung

Dispenser	BRAND GMBH + CO KG (Wertheim), Dispensette® III Analog, 4700140
Erlenmeyerkolben, 250 ml, mit Schraubverschluss	VWR International GmbH (Darmstadt), 214-0410
Erlenmeyerkolben, 2 l, enghalsig	VWR International GmbH (Darmstadt), 214-0471
Magnetrührer	IKA®-Werke GmbH & Co. KG (Staufen), Typ RCT
Magnetrührstäbchen, rund	VWR International GmbH (Darmstadt), 442-0485
Messzylinder, 1 l	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), Y310.1
Reagenzgläser 160 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), 212-1116
Reagenzglasgestell, 3 x 12	VWR International GmbH (Darmstadt), 212-6425
RV-Flüssigmedium	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), CM0669B
Steristopfen	VWR International GmbH (Darmstadt), HERE1011400
Waage, transportabel	OHAUS Europe GmbH (Greifensee, Schweiz), Compact CS200, 611-4341

30 g Rappaport-Vassiliadis (RV) Anreicherungslösung wurden in einen Erlenmeyerkolben abgewogen und 1 l VE-Wasser hinzugefügt. Nach Zugabe eines Magnetrührstäbchens wurde das Gemisch bis zur Lösung auf einen Magnetrührer verbracht. Anschließend wurden jeweils 10 ml mit Hilfe einer Dispensette in Reagenzröhrchen abgefüllt sowie autoklaviert.

3.1.4.2.3 MSRV-Nährboden: Material & Herstellung

Erlenmeyerkolben, 2 l, enghalsig	VWR International GmbH (Darmstadt), 214-0471
Magnetrührer	IKA®-Werke GmbH & Co. KG (Staufen), Typ RCT
Magnetrührstäbchen, rund	VWR International GmbH (Darmstadt), 442-0485
Messzylinder, 500 ml	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), Y309.1
MSRV-Nährboden-Basis, modifiziert	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), CM0910B
MSRV-Selektiv-Supplement	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), SR0161E
Petrischalen	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 632180
Waage, transportabel	OHAUS Europe GmbH (Greifensee, Schweiz), Compact CS200, 611-4341
Wasserbad	GFL mbH (Burgwedel), 1092

In zwei Erlenmeyerkolben wurden jeweils 500 ml VE-Wasser, 15,8 g von der Mediumbasis und ein Magnetrührstäbchen eingeführt. Die Basisnährbodenlösung wurde kurz aufgeköcht und anschließend im vorgeheizten Wasserbad auf 50°C abgekühlt. Im nächsten Schritt wurde für jeden Erlenmeyerkolben ein Selektiv-Supplement steril mit 2 ml Aqua Bi-Dest versehen und zu der abgekühlten Lösung hinzugegeben. Nach erneuter Durchmischung wurden die Platten unter der Laminar Flow der biologischen Sicherheitswerkbank unter sterilen Bedingungen gegossen und bei Raumtemperatur abgekühlt.

3.1.4.2.4 Salmonellenanzucht

Bunsenbrenner	WLD-TEC GmbH (Arenshausen), Gasprofi 2 SCS
Impfösen, Ø 3 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), WART6000373
Impfösenhalter, 175 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2684
Reagenzschüttler RS-VA 10	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), PX88.1
XLD/Brilliance™ Salmonella-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PO5248E

Die Lagerung des XLD/Brilliance™ Salmonella-Nährbodens erfolgte bis zur Anzucht ebenfalls im Kühlschrank bei +2 - +6 °C.

3.1.4.3 Differenzierung der Bakterienisolate mittels MALDI-TOF

3.1.4.3.1 System von Bruker Daltonik GmbH (Bremen, Deutschland)

MALDI-TOF Microflex LT

Software – Biotyper Realtime Classification, Version 3.1

Software – flexControl, Version 3.4

3.1.4.3.2 Sonstiges

Ameisensäure, 98-100 %	Merck KGaA (Darmstadt), 100264
Mikroliterpipette	Gilson International B.V. Deutschland (Limburg- Offheim), F144058M
MSP (Micro Scout Plate), 96 target ground steel	Bruker Daltonik GmbH (Bremen), #224990
Pipettenspitzen, gelb	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 739296
Schraubröhre, 15 ml	Sarstedt AG & Co. (Nümbrecht), 62.554.502
Zentrifugenröhrchen	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 114817

3.1.4.3.3 Matrix: Material & Herstellung

Acetonitril (AN), 99,8 %	Sigma-Aldrich Chemie GmbH (Taufkirchen), 271004
Alpha-Cyano-4-hydroxy-Zimtsäure, 99 %	Sigma-Aldrich Chemie GmbH (Taufkirchen), 476870
Blechdose	<i>Einzelhandel</i>
Eppendorf Reaktionsgefäße, 1,5 ml	Eppendorf AG (Hamburg), 0030120.094
Messpipetten, 1 ml	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 27002
Mobile Pipettierhilfe	BRAND GMBH + CO KG (Wertheim), Integra Pipetboy 2
Pipettenbüchse	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2065
Trifluoressigsäure (TFA), 50 ml	Merck KGaA (Darmstadt), 1.08178.0050

Die Herstellung der Alpha-Cyano-4-hydroxy-Zimtsäure-Matrixlösung erfolgte nach den Angaben von Bruker Daltonik (Bremen, Deutschland) (ANONYMOUS, 2012b, 2012a). Im ersten Schritt wurden aus 500 µl Acetonitril (AN), 475 µl Aqua dest. und 25 µl

Trifluoressigsäure ein Volumen von 1 ml organischem Lösungsmittel hergestellt. Im zweiten Schritt wurden 14 mg Alpha-Cyano-4-hydroxy-Zimtsäure abgewogen und mit dem organischen Lösungsmittel vermischt. Die schwer lösliche Zimtsäure wurde bis zur ihrer Verwendung im Kühlschrank aufbewahrt. Mittels Reagenzschüttler und hilfsweise manuellem Rubbeln auf einem Drahtgittergeflecht eines Reagenzglasgestells wurde die Lösung zur Sättigung gebracht. Anschließend wurde die entstandene Lösung einige Minuten stehen gelassen, bevor der Überstand in Eppendorf-Reaktionsgefäße abpipettiert wurde. Die Lagerung erfolgte vor Sonnenlicht geschützt in einer handelsüblichen Blechdose.

3.1.4.4 Weitere Differenzierung

3.1.4.4.1 Subkulturen

Blut-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PB5039A
Brilliance™ Candida-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PO5170A
Bunsenbrenner	WLD-TEC GmbH (Arenshausen), Gasprofi 2 SCS
Columbia CNA-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PB5049A
Frischhaldedose	<i>Einzelhandel</i>
EMB-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), Levine modifiziert, PO5045A
Impfösen, Ø 3 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), WART6000373
Impfösenhalter, 175 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2684
KAA-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PO5059A
Klebeband	Tesa SE (Norderstedt), 4341
Nutrient-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PO5025A
Sabouraud Glucose-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PO5096A

Die verwendeten Nährböden wurden bis zu ihrem Gebrauch bei +2 - +6 °C im Kühlschrank gelagert.

3.1.4.4.2 Enzymverhalten

BBL Dry Slide Oxidase	Becton Dickinson GmbH (Heidelberg), 231746
Bunsenbrenner	WLD-TEC GmbH (Arenshausen), Gasprofi 2 SCS
Impfösen, Ø 3 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), WART6000373
Impfösenhalter, 175 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2684
Kaliumhydroxid, 50 %	Carl Roth GmbH + Co. KG (Karlsruhe), 7949.1
Objektträger mit Mattrand	Henry Schein VET GmbH (Hamburg), 9002573
Pasteurpipetten	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2850
Wasserstoffperoxid, 3 % stabilisiert, 1 l	VWR International GmbH (Darmstadt), 23614.291

3.1.4.4.3 Gram-Färbungen: Material

Bunsenbrenner	WLD-TEC GmbH (Arenshausen), Gasprofi 2 SCS
Drahtbügel für Färbetrogeinsatz	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 473100
Ethanol, 96 %	Carl Roth GmbH + Co. KG (Karlsruhe), T171.2

Färbetrog mit Deckel	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 472200
Färbetrogeinsatz	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 472000
Immersionsöl	VWR International GmbH (Darmstadt), 1.04699.0100
Karbofuchsinlösung	VWR International GmbH (Darmstadt), 1.09215.2500
Kristallviolettlösung	VWR International GmbH (Darmstadt), 1.09218.0500
Lichtmikroskop	Leica Microsystems GmbH (Wetzlar), Leitz Laborlux S, 020-505.030
Lugol'sche Lösung	VWR International GmbH (Darmstadt), 1.09261.1000
Mikroskopbeleuchtung, Stromversorgung	Leica Microsystems GmbH (Wetzlar), Leitz, Typ 301-314.001
Objektträger mit Mattrand	Henry Schein VET GmbH (Hamburg), 9002573
Objektträgertablett	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), B9 191010
Pinzette	M&B Stricker Laborfachhandel GbR (Bernried), 2688.1
Trockenblock	VWR International GmbH (Darmstadt), 515-8110

3.1.4.4.4 Differenzierung mittels API-Testsystemen

API 20 E	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 20 100
API 20 NE	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 20 050
API 50 CH E/B	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 50 430
API Coryne	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 20 900
API Rapid ID 32 Strep	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 32 600
API Staph	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 20 500
FB	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 562
James-Reagenz	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 542
NIN	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 491
NIT 1 & 2	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 442
PYZ	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 492
TDA	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 402

VP A & VP B	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 572
Zn	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 380
Zym A	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 494
Zym B	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 493
Blut-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PB5039A
Bunsenbrenner	WLD-TEC GmbH (Arenshausen), Gasprofi 2 SCS
Columbia CNA-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PB5049A
Handdispenser, 5 ml	BRAND GMBH + CO KG (Wertheim), HandyStep
Impfösen, Ø 3 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), WART6000373
Impfösenhalter, 175 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2684
McFarland Standards	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 900
Nutrient-Agarplatten	Oxoid Deutschland GmbH (Wesel), PO5025A
Paraffinöl	bioMérieux Deutschland GmbH (Nürtingen), 70 100
Pasteurpipette	VWR International GmbH (Darmstadt), 612-2850
Reagenzglasgestell, 3 x 12	VWR International GmbH (Darmstadt), 212-6425
Reagenzröhrchen, 100 mm	VWR International GmbH (Darmstadt), 212-1106
Wasserstoffperoxid, 3 % stabilisiert, 1 l	VWR International GmbH (Darmstadt), 23614.291
Wattetupfer, steril	Henry Schein VET GmbH (Hamburg), 370-341

3.1.4.5 Sonstiges

Brutschränke	Memmert GmbH + Co. KG (Schwabach), IN 260, Memmert GmbH + Co. KG (Schwabach), BM 600
Handschuhe	Meditrade GmbH (Kiefersfelden), Gentle skin® classic, 02243729
Kühlschränke	Liebherr-International AG (Bulle, Schweiz), 7080 349-00
Mikroskop VetScan HD	Abaxis Europe GmbH (Griesheim), 1300-0006
Standautoklav	Systec GmbH (Linden), Modell V-95
Sterilisator	Memmert GmbH + Co. KG (Schwabach) UM 800
Wasserdestillierapparat	GFL mbH (Burgwedel), 2001/2
Werkbank	Heraeus Holding GmbH (Hanau), HB 2472

3.1.4.5.1 Herstellung Natriumchlorid-Lösung 9 %

Natriumchlorid-Tabletten, 9 g	Merck KGaA (Darmstadt), 1064041000
Schraubverschluss für Vierkantflasche	VWR International GmbH (Darmstadt), 217-9200
Vierkantflasche, braun, 100 ml	VWR International GmbH (Darmstadt), 215-1634

Zur Herstellung einer 0,9 % Natriumchlorid-Lösung wurden handelsübliche Tabletten von jeweils 9 g mit 1 l Aqua Bi-Dest versetzt, aufgelöst und nach dem Abfüllen in braune Vierkantflaschen autoklaviert.

3.2 Methoden

3.2.1 Parasitologische Untersuchungsverfahren

3.2.1.1 Makroskopische Beurteilung

Zu Beginn der Untersuchungen wurde jede Kotprobe zunächst makroskopisch beurteilt und dabei die jeweilige Farbe und Konsistenz evaluiert. Zusätzlich wurde auf mögliche pathologische Beimengungen wie Blut oder Schleim geachtet. Ein besonderes Augenmerk lag auf der Suche nach adulten Würmern oder abgegangenen Bandwurmgliedern, den sogenannten Proglottiden.

Bei der Kotfarbe wurden rötliche und grüne Farbnuancen, sowie hellbraune, braune, dunkelbraune bis schwärzliche Farbabstufungen unterschieden. Bei dem in dieser Studie untersuchten Wassergeflügel stellt sich der Kot physiologisch als grünlich dar, bedingt durch die rein pflanzliche Ernährung. Bei den Hühnern sind braune bis grünliche Farbabstufungen, je nach Herkunft des Kotes, physiologisch. Blinddarmkot stellt sich üblicherweise hellbraun bis ockerfarben dar.

Bezüglich der Kotkonsistenz wurde zwischen trocken, breiig, wässrig, schleimig, puffig, faserig und unverdaut mit entsprechenden Zwischenstufen differenziert. Eine physiologische Kotkonsistenz stellt sich beim Wassergeflügel als breiig bis wässrig dar, bei den Hühnern sind geformte, kleine Haufen als physiologisch anzusehen. Blinddarmkot ist etwas breiiger. Die teilweise sehr trockene Konsistenz kann bedingt sein durch die Lagerung während der dreitägigen Kollektion und durch die Dauer der Einsendung in die Klinik. Bei der breiigen Konsistenz war die Kotstruktur noch erhalten, wohingegen der Wasseranteil bei der wässrigen Abstufung überwogen hat.

Bei den pathologischen Beimengungen wurden Schleim, Schleimhautfetzen, Sand, Gas und unverdaute Körner unterschieden. Beimengungen von Gas, sichtbar anhand von Luftblasen im Kot, sowie Schleim deuten auf ein Ungleichgewicht des Darmmikrobioms hin. Ausgeschiedene Schleimhautfetzen sind ein Zeichen für eine starke Reizung und eine Schädigung der Darmschleimhaut. Besonderes Augenmerk liegt dabei auf der Annahme, dass die Blut-Darmschranke gestört ist und somit Keime in die Blutbahn gelangen können. Unverdaute Körner liefern ein Hinweis auf eine fehlende Aufschließung der Körner im Drüsen- und Muskelmagen. Die Nährstoffaufnahme und -versorgung aus der Nahrung kann in diesem Fall unzureichend sein.

Sand nehmen die Tiere oft bei starkem Parasitenbefall und Unwohlsein auf um eine Reinigung des Magen-Darm-Traktes zu bewirken.

3.2.1.2 Mikroskopische Beurteilung

3.2.1.2.1 Nativpräparate

Mit einem Doppelspatel wurde eine etwa stecknadelkopfgroße Menge des vorher homogenisierten Kots auf einen Objektträger aufgebracht und mit 2 Tropfen physiologischer Kochsalzlösung verflüssigt. Anschließend wurde der Kot mit Hilfe eines Deckgläschens ausgestrichen und dieses anschließend aufgelegt. Dieses Nativpräparat wurde dann jeweils in der 100 x und 250 x Vergrößerung unter dem Mikroskop mäanderförmig durchgemustert.

3.2.1.2.2 Flotationsverfahren

Mit Hilfe einer Waage wurden 2 g des zuvor homogenisierten Kots abgewogen, anschließend in einen Mörser gegeben und 20 ml mittels Messzylinder abgemessener Zinksulfat-Flotationslösung beigelegt. Das Verhältnis Kotmenge zu Flotationslösung betrug somit in

etwa 1:10. Mittels Pistill wurde der Kot zerstoßen um eine homogene Suspension herzustellen. Anschließend wurde diese Suspension durch ein Sieb in ein Becherglas überführt und ein 16 mm Reagenzröhrchen bis fast zum Rand befüllt. Das Reagenzröhrchen wurde danach für 5 min bei 2500 Umdrehungen pro Minute zentrifugiert. Mit Hilfe einer abgeflamten, abgebogenen Impföse von 5 mm Durchmesser wurde der Überstand an 5 Stellen der Flüssigkeitsoberfläche, ohne diese zu durchstoßen, entnommen und auf einen Objektträger aufgebracht. Nach Aufbringen eines Deckgläschens erfolgte das mäanderförmige Mikroskopieren bei einer 100 x und 250 x Vergrößerung (FAUST et al., 1939; ZAJAC et al., 2002; SCHMÄSCHKE, 2015).

3.2.1.2.3 Bewertungsschlüssel

Zum Einsatz kam ein Bewertungsschlüssel, der in der Abteilung der Parasitologie der Klinik für Vögel, Kleinsäuger, Reptilien und Amphibien verwendet wird:

- (+) vereinzelt Eier/Oozysten auf dem Objektträger
- + 1-5 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld
- ++ 5-10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld
- +++ >10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld
- ++++ nicht mehr zählbare Anzahl

Für die statistische Auswertung wurde diese Quantifizierung als Ziffern kodiert.

- 1 entspricht (+) vereinzelt Eier/Oozysten auf dem Objektträger
- 2 entspricht + 1-5 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld
- 3 entspricht ++ 5-10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld
- 4 entspricht +++ >10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld
- 5 entspricht ++++ nicht mehr zählbare Anzahl

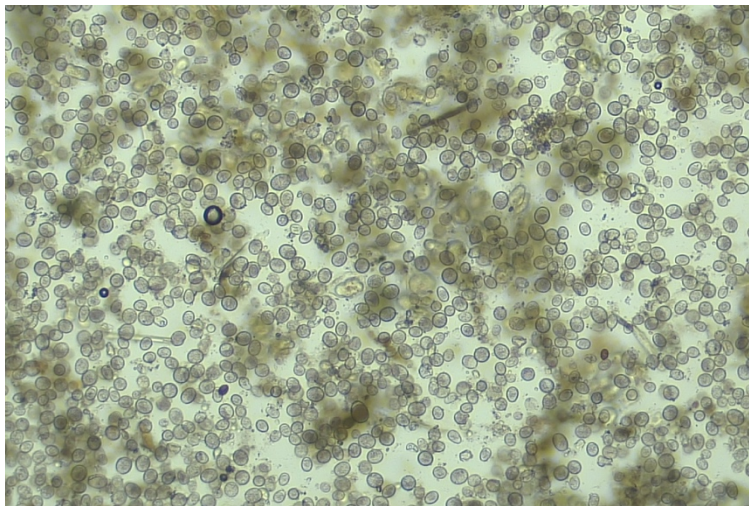


Abbildung 13: Kokzidienoozysten (100 x vergrößert); Befallsintensität ++++ (5)

3.2.2 Bakteriologische Untersuchungsverfahren

3.2.2.1 Anfertigung einer Verdünnungsreihe

Die Verdünnungsreihe wurde unter einer biologischen Sicherheitswerkbank hergestellt. Zu Beginn wurde 1 g des zuvor homogenisierten Kots mit Hilfe eines Doppelspatels auf einer transportablen Waage abgewogen. Für jede Kotprobe wurde ein neues Stück zuvor autoklavierter Aluminiumfolie zum Abwiegen verwendet. Diese abgewogene Kotmenge wurde dann in ein mit 9 ml Peptonwasser gefülltes Reagenzglas überführt. Anschließend wurde eine Verdünnungsreihe bis 10^{-6} durchgeführt, wobei jeweils 100 μ l mit Hilfe einer 1 ml Mikroliterpipette und einer mobilen Pipettierhilfe in ein neues Reagenzröhrchen mit 9 ml Peptonwasser überpipettiert wurden. Vor dem Abpipettieren wurde jedes Gemisch mit einem Reagenzschüttler für ungefähr 5 Sekunden, das erste Röhrchen mit dem noch unverdünnten Kot für 10 Sekunden gevortext und so homogenisiert. Außerdem wurde jede Reagenzröhrchenöffnung nach Abnahme des Steristopfens und vor Eingehen mit der Glaspipette unter dem Bunsenbrenner abgeflammt, um eine mögliche Kontamination durch Einbringen von Keimen von der äußeren Oberfläche zu vermeiden.

3.2.2.2 Aerobe und anaerobe Anzucht

Für die Ausstriche auf den Brutplatten wurden Verdünnungen von 10^{-4} bis 10^{-6} verwendet, da sich gezeigt hatte, dass diese Verdünnungen ein ausreichendes und auswertbares Bakterienwachstum hervorbringen.

Mit Hilfe von einer Kolbenpipette wurden jeweils 100 μ l aus dem schräg gehaltenen, zuvor durchgeschüttelten Reagenzglas entnommen und auf Brutplatten aufgetropft. Verwendet wurden drei verschiedene Agarplatten. Traditionelle Blutplatten basieren entweder auf Caseinhydrolysaten oder auf Fleischinfusionen. Der in dieser Arbeit verwendete Columbia Agar mit 5 % defibriniertem Schafsblut vereinigt die Vorteile dieser beiden Nährbodentypen, sodass er sowohl zum schnellen Wachstum großer Kolonien als auch zu klar abgrenzbaren Hämolysehöfen führt. Diese Blutplatte kam bei der aeroben und bei der anaeroben Anzucht zum Einsatz.

Bei der aeroben Anzucht wurden zudem als Selektivnährboden zur Anzucht und Isolierung von Staphylokokken und Streptokokken Columbia CNA-Platten genutzt. Für die aerobe Anzucht von Enterobacteriaceae kam ein perlubinroter, transparenter Eosin-Methylenblau-Lactose-Nährboden nach Levine zum Einsatz. Auf diesem Agar zeigen Bakterienkolonien von *Escherichia coli* überwiegend einen charakteristischen grünlichen Metallglanz im reflektierendem Licht. Die aufgetragenen 0,1 ml wurden mit einem zuvor in Ethanol eingetauchten, dann abgeflammt und abgekühlten Drigalskispatel ausgespatelt.

Die anaerobe Bebrütung erfolgte in Anaerobierboxen mit einem Fassungsvermögen von bis zu 12 Brutplatten oder, bei geringem Probenaufkommen, in Anaerobiertüten für jeweils maximal 4 Agarplatten. Die entsprechenden Anaerobierbeutel, welche den vorhandenen Sauerstoff binden und Kohlendioxid erzeugen, sowie die zur Überprüfung des erzeugten anaeroben Milieus erforderlichen Teststäbchen wurden hinzugefügt.

Die beimpften Agarplatten wurden im Brutschrank für 18-24 h bei $37^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ bebrütet.

Nach der angegebenen Zeit war auf allen Anzuchtplatten ein bakterieller Bewuchs sichtbar.

3.2.2.3 Salmonellenanzucht

Zur Anzucht von Salmonellen mittels Anreicherung wurden aus der zuvor homogenisierten Kotprobe 10 g Kot abgewogen und in eine Laborflasche mit 90 ml eines zuvor hergestellten gepufferten Peptonwassers überführt.

Anschließend wurde die Laborflasche während 30 Sekunden per Hand geschwenkt, um den Kot und das Peptonwasser zu homogenisieren. Dieses Gemisch wurde anschließend bei $+ 37^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ für 18-20 h inkubiert. Bei 7 Beständen wurde aufgrund einer zu geringen verfügbaren Kotmenge nur jeweils 1 g Kot in 9 ml Peptonwasser in einem Reagenzröhrchen angezüchtet. Das Vorgehen war in diesen Fällen identisch wie bei dem ersten Schritt der Verdünnungsreihe.

Im zweiten Schritt der Salmonellenanzucht wurden nach der Übernacht-Inkubation 100 μl aus dem zuvor kurz geschwenktem Peptonwasser entnommen und in ein Reagenzröhrchen mit 10 ml flüssigem Rappaport-Vassiliadis Anreicherungsmedium überführt. Diese Selektivanreicherung erfolgte bei $+ 41,5^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ während 24 h. Zusätzlich erfolgte eine Beimpfung von MSRV-Agars durch Auftropfen von jeweils 0,1 ml der Voranreicherung an 3 verschiedenen Stellen mit anschließender Bebrütung bei $+ 41,5^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ während 24 h.

Mittels Dreiösenausstrich wurde dann aus der flüssigen Selektivanreicherung, welche auf dem Reagenzschüttler durchmischt wurde, die Gefäßöffnung vor dem Eingehen mit der Öse abgeflammt und ein Xylose-Lysin-Desoxycholat- (XLD)/ Brilliance™ Salmonella- (OSCM) Nährboden beimpft. Die Bebrütung erfolgte bei $\pm 37^{\circ}\text{C}$ für 24 h.

Das Prinzip des XLD-Agars beruht auf der Xylose-Verwertung, Lysin-Decarboxylierung und Schwefelwasserstoff-Bildung zur Differenzierung der Shigellen und Salmonellen von nicht-pathogenen Bakterien. Im Gegensatz zu den Shigellen fermentieren die Salmonellen die Xylose vollständig. Zudem decarboxylieren sie das Lysin und verschieben den pH-Wert in den alkalischen Bereich. Die Schwefelwasserstoff-bildenden Salmonellenkolonien färben die Bakterienkolonien im Zentrum schwarz.

Die Identifizierung der Salmonellen anhand des XLD/Brilliance™ Salmonella-Nährbodens beruht auf der Anwesenheit der Caprylat-Esterase sowie der Abwesenheit der β -Glucosidase der Salmonellen. Das im Nährboden enthaltene Chromogen Magenta-Caprylat wird somit im positiven Fall von den Salmonellen gespalten und die Kolonien färben sich lila an.

Da sich nicht alle Salmonellen auf dem XLD-Agar schwarz und auf dem Brilliance™ Salmonella-Agar lila darstellen, wurden anschließend alle gewachsenen Kolonien zur weiteren Differenzierung auf das Target zur MALDI-TOF-Diagnostik aufgebracht und analysiert.

3.2.3 Differenzierung der Bakterien mit Hilfe des MALDI-TOF

Verwendet wurde bei dieser Studie das MALDI-TOF Microflex LT (Bruker Daltonics, Bremen, Deutschland).

Die Steuerung des MALDI-TOF erfolgte vom PC aus durch das Programm MALDI Biotyper Automation Control.

Die Kalibrierung des Massenspektrometers erfolgte routinemäßig einmal pro Woche durch den vom Hersteller mitgelieferten Bruker Bacterial Test Standard (Bruker BTS, # 255345). Bei dieser Standardlösung handelt es sich um eine Präparation eines definierten *E. coli*-Stamms mit 2 zusätzlich hinzugefügten Proteinen. Diese Kalibrierung wurde nach der manuellen Prozedur durchgeführt. Dabei wurden die Abweichungen aller Spitzen der generierten Spektren verglichen und darauf geachtet, dass diese Abweichungen in dem Rahmen lagen, der vom Hersteller festgelegt wurde.

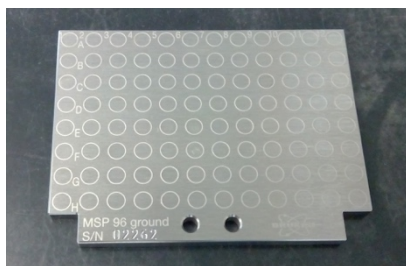
3.2.3.1 Matrixlösung

Die bei dieser Arbeit als Matrix verwendete α -Cyano-4-Hydroxy-Zimtsäure (CHCA) erlaubt eine Messung von Peptiden und Proteinen einer Größe von 0,7-20 kDa (ANONYMOUS, 2012a). Die Matrixlösung wurde wie oben beschrieben selbst hergestellt.

3.2.3.2 Durchführung

Es wurden stets frisch kultivierte Bakterienkulturen verwendet. Die Lagerung der Bakterienkulturen erfolgte nach Entnahme der Brutplatten aus dem Brutschrank bis zum Aufbringen auf das Target (Abbildung 14), das nach spätestens 3 Stunden erfolgte, bei Raumtemperatur. Eine Kühlung der Brutplatten kann zum Abbau der Proteine führen.

Die Einzelkolonien wurden ausschließlich nach dem Direktschmierverfahren präpariert. Mit Hilfe eines Zahnstochers wurde eine geringe Menge der zu untersuchenden Bakterienkolonie auf das bei dieser Arbeit verwendete Target aufgebracht. Das aufgetragene



Material wurde nun mit ca. 1 μ l 70 %iger Ameisensäure überschichtet. Die Ameisensäure verbessert das Aufschließen der Bakterienwände, insbesondere bei grampositiven Bakterien. Das Target wurde bei Raumtemperatur trocknen gelassen um in einem zweiten Schritt 1 μ l Matrix aufzutropfen.

Abbildung 14: MSP 96 target ground steel

Es folgte eine erneute Trocknung bei Raumtemperatur. Beim Überschichten der Analyten wurde darauf geachtet, jegliches Risiko einer Kreuzkontamination zwischen zwei Testfeldern auszuschließen.

Das Target wurde in dieser Form in das MALDI-TOF eingelegt und die Auswertung gestartet (ANONYMOUS, 2012b).

3.2.3.3 Technische Vorbereitung

Das Microflex LT besitzt 2 Vakuumbereiche von etwa 2 mbar und einen Hochvakuumbereich, in dem Druckverhältnisse von ca. $2 \cdot 10^{-6}$ mbar herrschen (ANONYMOUS, 2008). Eine Messung ist erst möglich, wenn die erforderlichen Druckverhältnisse nach Einlegen des Targets wieder erreicht werden. Währenddessen wurde am PC die benötigte Software geöffnet, und zwar das Programm MALDI Biotyper RTC. Hier wurden für jede Proben-teller-

Messung ein entsprechendes Projekt namentlich neu benannt und die zu untersuchenden Analyten anhand ihrer Position auf dem Target definiert. Zusätzlich wurde das Programm flexControl benötigt, das mit dem Massenspektrometer kommuniziert und dessen Status auch während der Messvorgänge fortlaufend anzeigt (ANONYMOUS, 2012b).

3.2.3.4 Auswertung

Die Auswertung erfolgte mittels MALDI Biotyper 3.1 SR1, der die Spektren (MSP, Main Spectra Projection) von Bruker Taxonomy, SR Taxonomy und eigene, selbst erstellte Spektren (unassigned MSPs) verwendet. Zum Zeitpunkt der Messungen waren hier 6499 Referenzspektren enthalten (WOLF und STRAUBINGER, 2016). Zur Standardisierung erfolgten die Messungen mittels der automatischen Messmethode (MBT_AutoX). Ein Spektrum muss in dieser Messmethode vorab eingestellte Kriterien erfüllen, um vom „AutoXecute run“ als ausreichend angesehen zu werden.

Im ersten Schritt der Datenverarbeitung wurden die erzeugten Massenspektren in eine Peakliste übertragen. Im zweiten Schritt wurde diese Auflistung mit den hinterlegten Werten der Referenzspektren abgeglichen. Diese Auswertung erfolgte mittels eines Algorithmus, der 3 verschiedene Werte der Probe mit den Referenzspektren vergleicht.

Zuerst wurde die Anzahl der Massenpeaks aus den Referenzspektren, die eine große Ähnlichkeit zu denen aus der Probe haben, ermittelt. Anschließend wurde dann die Anzahl der Massenpeaks aus dem Probenspektrum ermittelt, die denen aus den Referenzspektren sehr ähnlich sind. Schlussendlich wurde dann noch die Symmetrie der in den vorherigen Schritten ermittelten Signale bestimmt. Dieser Symmetrieabgleich des unbekannten Spektrums mit den Referenzspektren erfolgte sowohl für die Peaks mit hoher Intensität als auch für die mit einer niedrigen Intensität.

Diese drei Auswertungsschritte wurden jeweils mit 1 bewertet, wenn zutreffende Ergebnisse gefunden wurden, oder mit 0, wenn keine Übereinstimmung vorlag. Der Maximalwert, genannt „Score Value“, beträgt somit 3 ($= \log 1000$) und ist als dekadischer Logarithmus definiert (ANONYMOUS, 2012b).

3.2.3.5 Interpretation der Ergebnisse

In der Ergebnisübersicht werden zunächst für alle untersuchten Isolate, die besten und die zweitbesten Ergebnisse aufgelistet. Gefolgt wird diese Übersicht von einer Differenzierungsliste mit den für jeden Analyten jeweils zehn wahrscheinlichsten Ergebnismöglichkeiten. Außerdem wird eine Auflistung in tabellarischer Form angezeigt, mit zusätzlichen Hinweisen des Herstellers zu den gefundenen Ergebnissen, beispielsweise, dass eine gefundene Bakterienspezies sehr ähnliche Merkmale zu anderen Spezies aufweist und deren eindeutige Identifizierung vom Alter des zu untersuchenden Probenmaterials abhängig ist.

Eingestuft wurden die Isolate anhand von „Score Values“. Dabei wurden die in Abbildung 15 aufgelisteten Abstufungen verwendet.

Range	Description	Symbols	Color
2.300 ... 3.000	highly probable species identification	(+++)	green
2.000 ... 2.299	secure genus identification, probable species identification	(++)	green
1.700 ... 1.999	probable genus identification	(+)	yellow
0.000 ... 1.699	not reliable identification	(-)	red

Abbildung 15: Bedeutung der Score Values

Quelle: MALDI Biotyper 3.1 User Manual (ANONYMOUS, 2012b)

Bei der Auswertung zusätzlich von Bedeutung war auch der Abstand zwischen dem bei der Identifizierung erstgenannten Taxon und dem nächsten Taxon. Dieser Abstand sollte mindestens 10 %, also 0,300 in der Score Value Abstufung betragen (DEGAND et al., 2008). War der Abstand kleiner, mussten zusätzliche Kriterien hinzugezogen werden, wie Wachstumsmerkmale bei der Kultur, Grampräparate sowie differenzierende Schlüsselreaktionen.

Für die Ergebnisprotokolle erstellte die Software automatisch eine HTML-Sicherungsdatei, die einen ständigen Zugriff ermöglichte.

3.2.4 Weitere Differenzierung

3.2.4.1 Anfertigen von Subkulturen

Wenn eine Differenzierung mittels MALDI-TOF nicht erfolgreich war, wurden zunächst Subkulturen angefertigt. Dafür wurden die Kolonien von den Ursprungsbrutplatten mit einer Öse entnommen und im Anschluss mittels Dreiösenausstrich auf neue Brutplatten verbracht. Die Impfösen wurden zwischen jedem Ausstrich abgeflammt und abgekühlt.

Zum Einsatz kamen neben den bereits verwendeten drei Brutplattentypen auch noch ein Kanamycin-Äsculin-Azid (KAA) Selektivnährboden. Dieser Agar dient dem Nachweis von Enterokokken, die das enthaltene Äsculin durch Hydrolyse aufspalten, woraufhin sich das entstandene Äsculetin mit dem enthaltenen Ammoniumeisen(III)-citrat verbinden kann. Der KAA-Agar verfärbt sich um die Kolonien schwarz. Eine Ausnahme bildet das Bakterium *Enterococcus cecorum*, das diese Hydrolysefähigkeit nicht besitzt. Die Bebrütung dieser Platte erfolgt bei $+ 41^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ für 24 h.

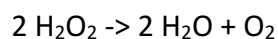
Ebenfalls zum Einsatz kam der Sabouraud-Glucose-Agar. Dieser dient dem Nachweis von Pilzen sowie von einigen Hefepilzarten. Um ein Austrocknen des Agars zu verhindern, erfolgte die Bebrütung nach Anbringen eines Klebebands in einer feuchten Kammer bei $+ 37^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ für mindestens 3 Tage. In dieser Studie wurde auch nach 14 Tagen Bebrütungszeit bei keiner Probe ein Wachstum beobachtet. Die weitere Differenzierung wäre bei vorhandenem Wachstum anhand der typischen Wachstumsmorphologie und mit Hilfe eines Abklatschpräparates unter dem Mikroskop erfolgt.

Ein Nährboden zur Differenzierung von Hefen stellt der Brilliance™ Candida-Agar dar. Dieser Nährboden enthält zwei Chromogene, die Indikatoren für Enzyme sind. Das Chromogen X-NAG (5-Brom-4-chlor-3-indoxyl-N-acetyl- β -D-glucosaminid) weist die Aktivität der Hexosaminidase nach. Die Aktivität der alkalischen Phosphatase wird durch das Chromogen BCIP (5-Brom-6-chlor-3-indolylphosphat-p-Toluidinsalz) detektiert. Zusätzlich ist im Agar eine opake Substanz enthalten, die die Farben der Kolonien besser erkennen lässt, sowie ein Breitband-Antibiotikum, das das bakterielle Wachstum unterdrückt. Die Bebrütung erfolgte nach dem Ausstrich mit einer Öse bei $+ 37^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ für bis zu 72 h bei täglicher Wachstumsüberprüfung. Die Identifizierung der *Candida* spp. erfolgte anhand eines Farbcodes.

3.2.4.2 Weitere Tests

3.2.4.2.1 Katalase-Test

Mit einer Pasteurpipette wurde ein Tropfen einer 3 %igen H_2O_2 -Lösung auf einen Objektträger aufgebracht. Nach dem Hinzufügen der zu untersuchenden Bakterienkolonien durch Aufreiben mittels Öse in das Wasserstoffperoxid wurde auf eine Sauerstofffreisetzung geachtet. Diese macht sich durch eine Schaumbildung auf dem Objektträger bemerkbar. Fällt der Katalase-Test positiv aus, ist das zu untersuchende Bakterium also in der Lage, H_2O_2 in Wasser und Sauerstoff aufzutrennen:



3.2.4.2.2 Oxidase-Test

Mit dem Oxidase-Test wurde die Anwesenheit des Enzyms Cytochrom-C-Oxidase untersucht. Es wurden Testblättchen verwendet, die den Indikator N,N,N',N'-Tetramethyl-1,4-

Phenylendiamin-Dihydrochlorid (TMPD) enthielten. Die zu untersuchenden Bakterien wurden abermals unter Zuhilfenahme einer Impföse auf den Teststreifen aufgebracht. Wenn innerhalb von 15 Sekunden ein Umschlag von weiß nach blau gesehen wird, spricht man von einem positiven Oxidase-Test.

3.2.4.2.3 Kalilaugen-Test

Der Kalilaugen-Test dient zur schnellen Unterscheidung zwischen grampositiven und gramnegativen Keimen. Mit einer zuvor kurz abgeflammt Pasteurpipette wurde ein Tropfen einer 3 %igen Kaliumhydroxid-Lösung auf einen Objektträger mit Bakterien aufgebracht und verrieben. Diese Lauge ist zu schwach, um die dickere Zellwand der grampositiven Bakterien zu lysieren, wohingegen die Zellwand gramnegativer Keime gelöst wird und die DNA freigesetzt wird. Aufgrund der nun erhöhten Viskosität ist bei gramnegativen Bakterien eine Fadenbildung sichtbar, wenn man die Öse leicht vom Objektträger löst.

3.2.4.3 Anfertigen von Grampräparaten

Die zu identifizierende Bakterienkolonie wurde mit einer abgeflammt Impföse von dem Agar entnommen und mit einem Tropfen Natriumchlorid-Lösung auf einem Objektträger homogenisiert und ausgestrichen. Nach Beschriftung mittels Bleistiftes wurde der Objektträger lufttrocknen gelassen, bevor eine dreimalige Hitzefixation mit Hilfe des Bunsenbrenners erfolgte. Nach Abkühlung wurden die Objektträger für die anschließenden Färbungen in ein entsprechendes Objektträgerfärbegestell eingelegt.

Zunächst wurde eine dreiminütige Färbung in einer mit VE-Wasser 1:5 verdünnten Kristallviolett-Lösung durchgeführt. Danach wurde die Objektträgerhalterung unter klarem Wasser abgespült, bis keine Farbschlieren mehr sichtbar waren. Es folgte eine erneut drei Minuten dauernde Färbung in Lugol'scher Lösung mit anschließender Spülung unter Wasser. Nach dem Entfärben in 70 %igem Alkohol, bis keine Farbwolken mehr abgingen, erfolgte eine Gegenfärbung in 1:10 verdünnter Karbolfuchsin-Lösung. Nach erneutem Abspülen wurde jeder Objektträger einzeln in einem Trockenblock vorgetrocknet und auf ein Objektträgertablett gelegt. Die Mikroskopie erfolgte unter einer 1000 x Vergrößerung mit Immersionsöl.

3.2.4.4 Differenzierung mittels API®-Testsystemen

Die API®-Teststreifen beruhen auf einer Kombination biochemischer Tests, die sich in kleinen Kavitäten befinden. Durch Hinzufügen der zu untersuchenden Bakteriensuspension kommt es zu Farbreaktionen, die es mit Hilfe von Datenbanken auszuwerten gilt. Der Analytische-Profil-Index stellt eine standardisierte, miniaturisierte Bunte Reihe dar.

Je nach zu untersuchender Bakteriengattung kommen unterschiedliche Teststreifen dieser anerkannten Referenztechnik zum Einsatz.

3.2.4.4.1 API Staph

Bevor der API Staph Teststreifen in die Inkubationswanne eingelegt wurde, wurden ca. 5 ml VE-Wasser in diese eingefüllt um eine feuchte Kammer herzustellen. Die zu untersuchenden und als Staphylokokken identifizierten Bakterien wurden im API Staph nach Angaben des Herstellers weiter differenziert. Von einer frischen Blutplatte wurde eine Kolonie in API Staph Medium überführt und eine Trübung entsprechend dem McFarland 0,5 Trübungsstandard erzeugt. Die Reaktionsfeld-Röhrchen des Teststreifens wurden dann

mittels Pasteurpipette durch Schräghalten des Streifens, blasenfrei befüllt. Zwei mittels Unterstrich markierte Felder wurden zur Erzeugung anaerober Bedingungen mit Paraffin verschlossen. Zur Qualitätsüberprüfung wurde zusätzlich ein Tropfen der Bakteriensuspension auf eine Blutplatte aufgebracht und ausgestrichen. Diese Kontrollplatte sowie der abgedeckte API-Teststreifen wurden für 18-24 h bei $36^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$ bebrütet. Anschließend wurden die Reagenzien VP 1 und VP 2, NIT 1 und NIT 2 jeweils in die entsprechenden Reaktionsfelder zugegeben, sowie ZYM A und ZYM B in das PAL-Testfeld hinzugefügt. Nach jeweils zehnminütiger Inkubation wurde die Färbung der Reaktionsfelder notiert. Anhand des für die Bakterien erhaltenen Farbcodes wurde ein numerisches Profil abgeleitet, das anschließend entweder anhand einer Profilliste oder mittels Identifizierungssoftware *apiweb*[™] ausgewertet wurde.

3.2.4.4.2 API Rapid ID 32 Strep

Nach Überprüfung der Zugehörigkeit zur Familie der Streptococcaceae oder der Enterococcaceae und einer dementsprechenden Bebrütung, wurden die angezüchteten Bakterien mittels API Rapid ID 32 Strep nach Angaben des Herstellers weiter differenziert. Nach der Entnahme des Teststreifens aus der Verpackung wurde eine Ampulle mit dem Suspensionsmedium eröffnet. Die Bakterienkolonien wurden mit einem Wattetupfer in die Suspension überführt und eine Trübungslösung nach McFarland Standard 4 hergestellt. Nach Homogenisierung erfolgte mittels Handdispenser die Befüllung der Testfelder mit jeweils 55 µl. Als Kontrollplatte wurde anschließend eine Blutplatte beimpft. Die Inkubation des API's erfolgte für 4 h bei $36^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$. Nach Zugabe der Reagenzien VIP A und VIP B, FB und NIN in die in der Anleitung angeführten Felder wurde der Test nach 5 bis maximal 10 min abgelesen. Anschließend konnte der numerische Code ausgewertet werden.

3.2.4.4.3 API Coryne

Der API Coryne Teststreifen wurde nach Erzeugung einer feuchten Kammer durch Einbringen von ca. 5 ml VE-Wasser in die Inkubationswanne gelegt. Alle Bakterienkolonien, die 24 h zuvor in Reinkultur angezüchtet wurden, wurden mit einem Wattetupfer vollständig von der Brutplatte aufgenommen und in eine Ampulle API Suspensionsmedium überführt. Die Trübung sollte über dem McFarland 6 liegen. Darauf folgend wurden die ersten 11 Reaktionsröhrchen des Teststreifens den Angaben des Herstellers entsprechend mit einer Pasteurpipette blasenfrei befüllt. Zunächst wurden bei den eckig umfassten Feldern die Röhrchen und Becher ganz aufgefüllt. Anschließend wurde der Rest der Suspension in eine Ampulle API GP Medium umgefüllt und nach Homogenisieren die letzten 9 Testfelder damit befüllt. Durch Unterstrich entsprechend markierte Felder wurden mit Paraffin bis zu einer leichten konvexen Überstandsbildung aufgefüllt. Nach Verschließen der feuchten Kammer mit dem entsprechenden Deckel erfolgte die Bebrütung für 24 h (± 2 h) bei $36^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$. Zur Überprüfung einer möglichen Kontamination trotz Arbeiten unter der Werkbank wurde die API-Suspension auf eine CNA-Brutplatte ausgestrichen und mitbebrütet.

Am darauffolgenden Tag wurden die entsprechenden Reagenzien, jeweils 1 Tropfen NIT 1 und NIT 2 sowie PYZ in die entsprechenden Testfelder hinzugefügt. In 6 weitere Reaktionsfelder wurden nach Anleitung noch zusätzlich ZYM A und ZYM B hinzugefügt. Nach 10 Minuten wurden die biochemischen Reaktionen anhand der Ablesetabelle ausgewertet. Dann erfolgte der Katalase-Test durch Zugabe eines Tropfens des entsprechenden Reagenzes in eines der 2 möglichen Felder. Die erhaltenen Farbcodes wurden in ein numerisches Profil umgewandelt, das wiederum mit der Datenbank abgeglichen und abgelesen werden konnte.

3.2.4.4.4 API 20 NE

Der API NE dient dem Nachweis nicht anspruchsvoller, gramnegativer Stäbchen, die nicht der Familie der Enterobacteriaceae angehören. Eine frisch über Nacht angezüchtete Bakterienkolonie wurde dem Nähragar entnommen und einem Oxidasetest unterzogen. Das Ergebnis wurde notiert und bei der Differenzierung miteinbezogen.

Der API NE wurde nach Angaben des Herstellers durchgeführt. Dazu wurde der Teststreifen zunächst in eine feuchte Kammer gegeben. Eine McFarland 0,5 Suspension wurde in einem Reagenzröhrchen mit 2 ml steriler Kochsalzlösung und mit Kolonien der zu untersuchenden Bakterienspezies hergestellt. Die ersten 8 Testfelder des Streifens wurden dann mit dieser Suspension beimpft. Zudem wurde ein Tropfen dieser Suspension zur Kontaminationsprüfung auf einen Nutrientagar ausgestrichen. Nach Öffnen einer Ampulle API AUX wurden ungefähr 0,2 ml der Suspension in die Ampulle überführt, homogenisiert und die restlichen 12 Röhrchen und Becher des Teststreifens befüllt. Dabei musste darauf geachtet werden, dass die Becher bis zur Bildung eines leichten konvexen Überstandes aufgefüllt wurden. Die 3 markierten Felder wurden mit Paraffin abgedichtet, so dass ein anaerobes Milieu geschaffen wurde. Nach Verschließen der feuchten Kammer erfolgte die Bebrütung bei 24 h (± 2 h) bei $29^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$.

Am folgenden Tag wurde die NO_3 -Reaktion 5 min nach Zugabe eines Tropfens NIT 1 und NIT 2 abgelesen. Bei negativer Reaktion kam noch Zn-Reagenz dazu und das Ergebnis wurde erneut nach 5 min evaluiert. Die TRP-Reaktion wurde durch Zugabe 1 Tropfens James-Reagenz nach sofortigem Ablesen der Farbe des Testfeldes bewertet. Ein vorhandenes oder nicht vorhandenes Bakterienwachstum wurde in den 12 hinteren Röhrchen nicht durch einen Farbumschwung, sondern durch das Vorhandensein oder die Abwesenheit einer Trübung beurteilt. Durch Addition der Wertigkeit der positiven Reaktionsfelder erhielt man das erforderliche numerische Profil zur Ergebnisfindung mittels Datenbank.

3.2.4.4.5 API 20 E

Der Analytische-Profil-Index „E“ dient dem Nachweis von Enterobacteriaceae und von nicht anspruchsvollen, gramnegativen Stäbchen. Vorab wurde ein Reagenzröhrchen mit 5 ml steriler Kochsalzlösung vorbereitet. Der ausgepackte Teststreifen wurde zu Beginn in die mit 5 ml VE-Wasser angefeuchtete Inkubationswanne eingelegt. Dann wurde mittels Impföse eine saubere Einzelkolonie von der Brutplatte entnommen und in das Reagenzröhrchen überführt. Die Suspension wurde homogenisiert und anschließend sofort mit einer Pasteurpipette in die Untersuchungsfelder eingefüllt. Bei den 3 umrahmten Testfeldern wurden sowohl die Röhrchen als auch die Becher vollständig aufgefüllt. Die unterstrichenen Reaktionsfelder wurden mit Paraffin zugedeckelt. Als zusätzliche Qualitätskontrolle wurde ein Tropfen der Keimsuspension mit der Pipette auf einer Nutrient-Platte ausgestrichen. Die Bebrütung beider Anzuchten erfolgte anschließend für 18-24 h bei $36^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$.

Für jeden hier analysierten Keim wurde zusätzlich die Oxidase anhand eines Testblättchens getestet und das Ergebnis notiert. Wenn nach der Bebrütungszeit 3 oder mehr Tests des Teststreifens positiv ausgefallen waren, wurden die Ergebnisse notiert und die Reagenzien beigemischt. Dies waren jeweils 1 Tropfen vom TDA-Reagenz in das entsprechende Feld, VP 1 und 2 in das VP-Feld und zuletzt 1 Tropfen James-Reagenz ins IND-Röhrchen. Waren nach bis zu 24 h Bebrütung weniger als 3 positive Testreaktionen erkennbar, erfolgte zunächst eine erneute Inkubation für weitere 24 h (± 2 h), bevor die Reagenzien eingetropft wurden. Die entsprechenden Farbreaktionen als Ergebnis der biochemischen Reaktionen wurden notiert und in ein numerisches Profil umgewandelt, um eine Auswertung mit Hilfe der Datenbank vornehmen zu können.

3.2.4.4.6 API 50 CHE/B

Der API 50 CHE/B ist zum Nachweis von Keimen der Gattung *Bacillus* und verwandter Gattungen sowie von gramnegativen Stäbchen der Familien Enterobacteriaceae und Vibrionaceae geeignet. Die Vorbereitung der Streifen erfolgte wie bei den vorherigen Testsystemen durch Einlegen der Teststreifen in eine feuchte Kammer.

Zuerst wurden mit einem Wattetupfer alle Bakterien der Anzuchtplatte entnommen und in 1 ml sterile Kochsalzlösung in ein Reagenzröhrchen gegeben. Dadurch entstand eine dichte Suspension, die in ein neues Röhrchen mit nun 5 ml steriler Kochsalzlösung überführt wurde. Dabei wurde eine Trübung entsprechend McFarland 2 hergestellt und die Anzahl der Tropfen notiert, die dazu benötigt wurden. Nach Öffnen einer Ampulle API 50 CHB/E Medium erfolgte mittels Pasteurpipette ein Überimpfen der doppelten Anzahl der vorher benötigten Tropfen. Anschließend wurden die Teströhrchen des Streifens beimpft. Die Zugabe von Paraffin wird bei obligat aeroben Keimen vom Hersteller nicht empfohlen und wurde daher nicht angewendet.

Die Inkubation des Teststreifens erfolgte während 48 ± 6 h bei $29 \pm 2^\circ\text{C}$, wobei jeweils nach 24 ± 2 h und nach der vollständigen Bebrütungszeit jedes Röhrchen des API 50 CH B mit Hilfe der Farbe auf Säurebildung überprüft wurde.

Für den Nachweis von Enterobacteriaceae oder Vibrionaceae wurde in 1 ml NaCl durch Überimpfen einiger Kolonien, eine Suspension entsprechend McFarland 4 hergestellt. Diese Suspension wurde ganz in das flüssige API CHE/B Medium überpipettiert. Anschließend erfolgte das Befüllen der Teströhrchen des API 50 CH und des API 20 E, wobei beim API 20 E nur die ersten 11 Röhrchen beimpft wurden. Die Testfelder des API 50 CH wurden mit Paraffinöl überschichtet. Die Anzucht erfolgte über 24 ± 2 h - 48 ± 6 h und bei $36 \pm 2^\circ\text{C}$. Das Ablesen erfolgte abermals zu den zwei angegebenen Zeitspannen, also nach etwa 24 h sowie 48 h. Eine bei Auswertung nach 24 h erfolgte Bewertung des Tests als positiv wurde auch bei späterem Farbumschlag nach negativ bei der finalen Auswertung nach etwa 48 h weiterhin als positiv gewertet. Der Streifen des API 20 E wurde nur einmalig nach 48 ± 6 h nach dem beim API 20 E bereits beschriebenen Vorgehen abgelesen.

Das erhaltene biochemische Profil wurde im letzten Schritt mittels *apiweb* Identifizierungssoftware ausgewertet.

IV. ERGEBNISSE

4.1 Ergebnisse der Auswertung der Fragebögen

4.1.1 Teilnehmer

Bei den 61 teilnehmenden Personen handelte es sich um 29 Züchter und 32 Hobbyhalter. 11 Züchter und 3 Hobbyhalter haben mit mehr als einer Geflügelart, Haltungs- oder Altersgruppe teilgenommen, so dass für jede Gruppe die Ergebnisse jeweils getrennt ausgewertet wurden. Jede einzeln ausgewertete Haltungs-Einheit wurde in der vorliegenden Studie als Bestand bezeichnet. Dementsprechend wurden insgesamt 50 Bestände von Züchtern und 36 Bestände von Hobbyhaltern einbezogen (Abbildung 16).

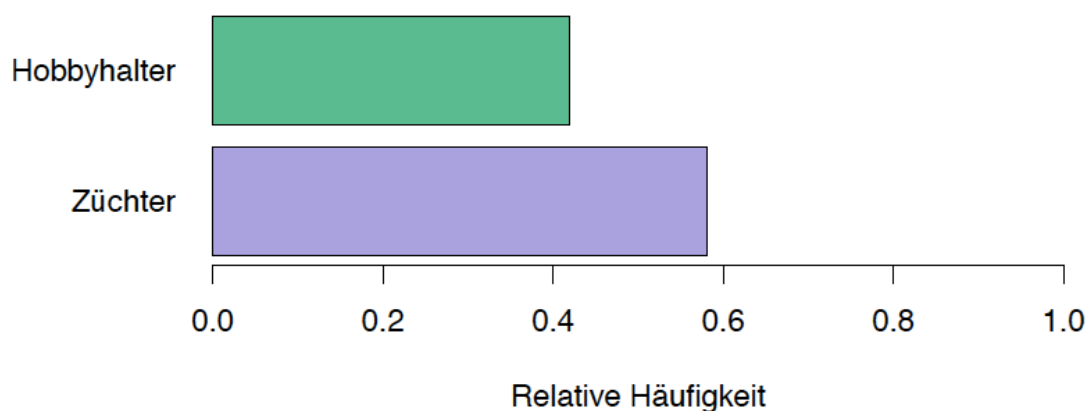


Abbildung 16: Verteilung der teilnehmenden Bestände

Von den 61 Teilnehmern haben alle bis auf einen Züchter den angeforderten Fragebogen ausgefüllt. Die nachfolgenden Angaben beziehen sich somit auf 60 Teilnehmer sowie 85 Bestände.

4.1.2 Studientiere

4.1.2.1 Tierarten

Die in diese Studie einbezogenen Tiere gehörten überwiegend der Ordnung *Galliformes* und hier der Art *Gallus gallus* (Haushuhn: *Gallus gallus domesticus*) an. Sie sind in Abbildung 17 als Hühner angeführt (Anmerkung: Der Begriff Huhn wird in der vorliegenden Studie für Haushühner (*Gallus gallus domesticus*) verwendet), sowie als „Andere“ zusammengefasst jeweils 1 Perlhühnerbestand und 1 Pfauenbestand. Als „Gemischt“ wurden Sammelkotproben erfasst, die von 2 verschiedenen Tierarten stammten. Dies waren 2 Bestände bestehend aus Enten- und Gänsevögeln, sowie 2 Bestände aus zusammengehaltenen Puten- und Perlhühnern.

Aus der Ordnung der *Anseriformes* waren ausschließlich Enten- und Gänsevögel vertreten.

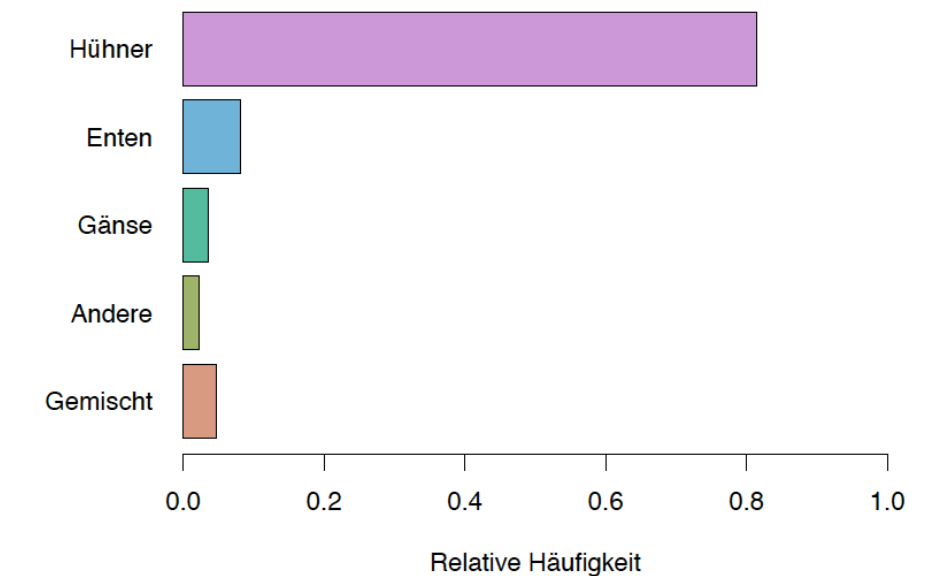


Abbildung 17: Relative Häufigkeit der Bestände mit Hühnern, Enten, Gänsen und anderen Studententieren

4.1.2.2 Studententieranzahl

82 Kotproben waren jeweils einer Tierart eindeutig zuzuordnen. Sie stammten von insgesamt 1810 Hühnern, 97 Enten, 52 Gänsen, 3 Pfauen und 6 Perlhühnern. Aus gemischten Haltungen mit mehreren Tierarten stammten 4 Sammelkotproben, und zwar jeweils 2 Kotproben von insgesamt 60 Enten und Gänsen sowie 2 Kotproben stammten von Puten und Perlhühnern mit einer Gesamttieranzahl von ebenfalls 60. Diese 4 Kotproben wurden unter der Rubrik „Gemischt“ aufgeführt. Die Puten und Perlhühner dieser Studie kamen nur in Beständen von Züchtern vor. Insgesamt hielten die Züchter mit 1809 Tieren eine bedeutend höhere Gesamttieranzahl als die Hobbyhalter mit 279 Tieren (Tabelle 1).

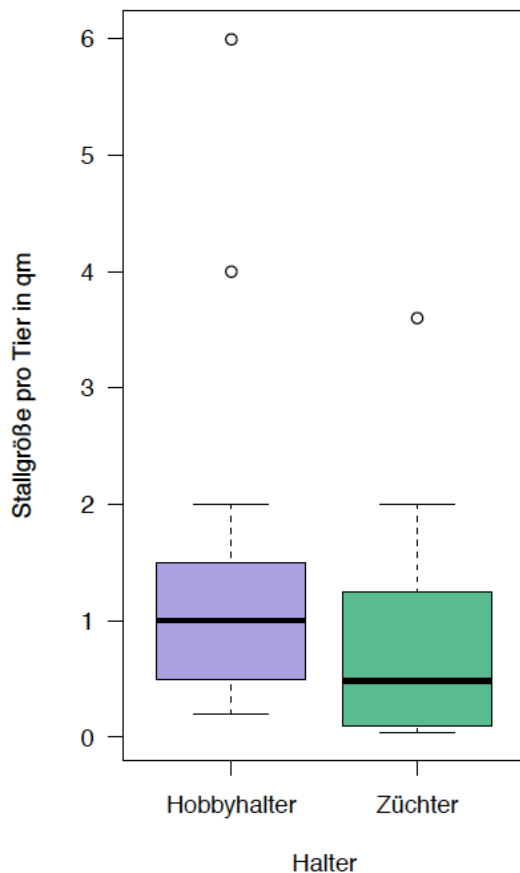
Tabelle 1: Herkunft der Studentiere: Zuordnung zu Hobbyhaltern sowie Züchtern

	Hühner	Enten	Gänse	Andere	Gemischt	Gesamttieranzahl
Hobbyhalter	248	24	4	3	0	279
Züchter	1562	73	48	6	120	1809
Gesamttieranzahl	1810	97	52	9	120	2088

Im Median hielten die Hobbyhalter 6 Tiere je Bestand und die Züchter 30 Tiere je Bestand.

4.1.3 Verfügbares Platzangebot für Studentiere

4.1.3.1 Verfügbare Stallflächen



Angaben zur Stallgröße wurden von 21 der 36 Hobbyhalterbestände, sowie von 32 der 50 teilnehmenden Bestände aus nicht-kommerziellen Zuchthaltungen auf den Fragebögen gemacht.

Im Median stand den Tieren aus den Hobbyhaltungen mit 1 qm pro Tier doppelt soviel Fläche im Stall zur Verfügung als den Tieren der Züchter (0,48 qm). Abgesehen von einem größeren Ausreißer bei den Hobbyhaltungen mit zur Verfügung stehenden 6 Quadratmeter pro Tier, sind die Unterschiede des Platzangebotes im Stall zwischen den beiden Haltergruppen aber eher gering (Abbildung 18).

Abbildung 18: Boxplot zur Stallgröße je Tier in qm

4.1.3.2 Verfügbare Weideflächen

Die Fragebögen enthielten bei 31 der 36 Hobbybestände und bei 44 der 50 Zuchtbestände Angaben zu den zur Verfügung stehenden Auslaufflächen.

Zur übersichtlicheren Darstellung fehlen auf dem abgebildeten Boxplot die Maximalwerte und die Ausreißer. Beide Boxplots sind deutlich rechtsschief, aber insbesondere bei den Züchtern überwiegt diese ungleiche Verteilung der Weidenflächen je Tier.

Bei der Hobbyhaltung standen einem Tier im Median 20 qm an Auslauffläche zur Verfügung, während bei den Züchtern 50 % der Tiere weniger als die Hälfte davon, und zwar 9,29 qm an Weide im Freien zur Verfügung hatten (Abbildung 19).

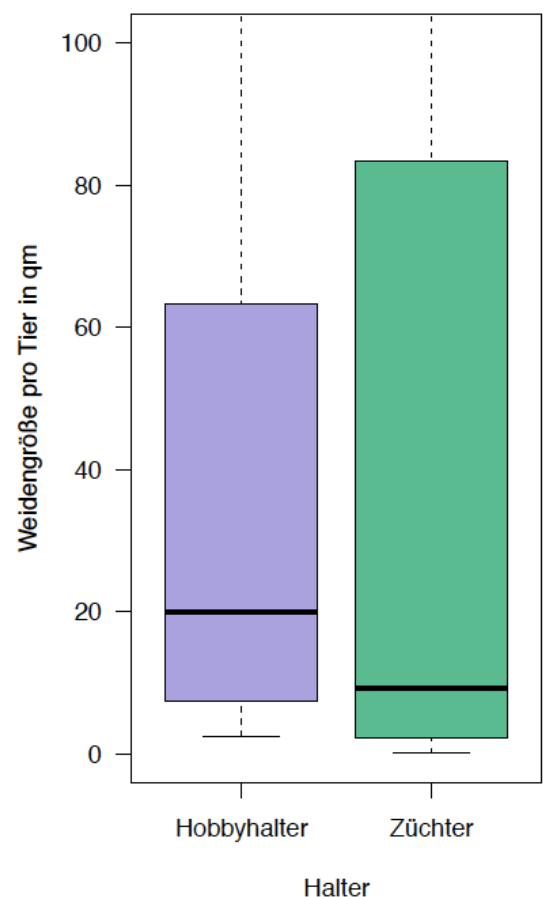


Abbildung 19: Boxplot zur Weidengröße je Tier in qm

4.1.4 Einsatz von einigen Arzneimitteln

4.1.4.1 Relative Häufigkeiten der Anwendung von Arzneimitteln

Eine Vorbehandlung mit Antiparasitika vor Studienbeginn erfolgte bei 25,88 % aller untersuchten Bestände.

Eine im Vorfeld der Studie durchgeführte antibiotische Therapie wurde hingegen nur für 5,88 % der teilnehmenden Tierbestände angegeben.

Ausschließlich bei 6 Zuchtbeständen erfolgte eine Immunisierung gegen die Kokzidiose (Abbildung 20).

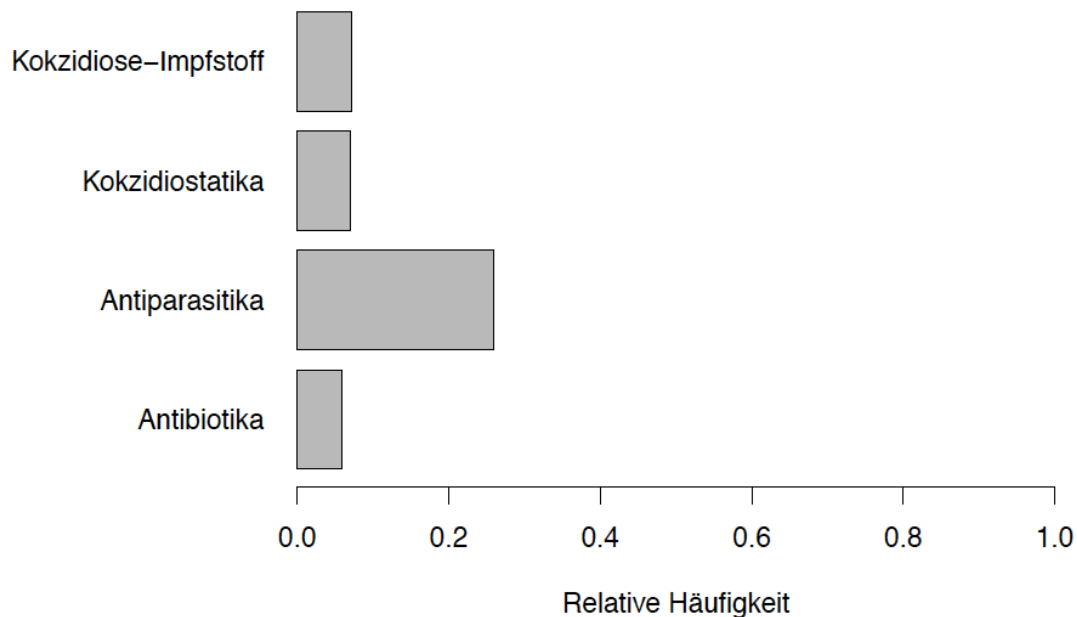


Abbildung 20: Relative Häufigkeit der Anwendung von Arzneimitteln

4.1.4.2 Relative Häufigkeiten der angewendeten Arzneimittel nach Tiergruppen

Von den mit Antibiotika vorbehandelten Beständen waren 80 % Hühner- und 20 % Entenbestände. Andere Tierarten hatten im Vorfeld keine antibiotische Therapie erhalten.

Gänsebestände erhielten im Vorfeld als einzige Pharmazeutika Antiparasitika (4,55 %). Der Großteil der vor Studienbeginn entwurmten Bestände waren Hühnerbestände (86,36 %), gefolgt von den Entenbeständen (9,09 %).

Ein Futtermittel mit enthaltenem Kokzidiostatikum sowie eine Impfung gegen Kokzidiose erhielten ausschließlich aus Hühnern bestehende Bestände.

4.1.5 Vorliegen der abgefragten Symptome

Als häufigstes Symptom kamen Durchfälle vor, die in 18 der 86 untersuchten Bestände beschrieben wurden, gefolgt von vorliegenden Atemgeräuschen bei 13 untersuchten Beständen (Tabelle 2).

Tabelle 2: Anzahl der Bestände mit vorhandenen Symptomen aufgeteilt nach Hobbyhaltern und Züchtern (AG: Atemgeräusche)

	Durchfall	Federpicken	Federverlust	Eierprobleme	Lahmheiten	Augen-/Nasenausfluss	Niesen	AG
Hobbyhalter	13	1	6	6	4	1	3	8
Züchter	5	2	2	4	0	0	1	5

4.1.6 Vorliegen der abgefragten Erkrankungen

Das Vorliegen von Parasitosen wurde von den Studienteilnehmern anhand von mit dem Kot sichtbar ausgeschiedenen Würmern beschrieben. Im Vorfeld der Studie wurden bei 6 Beständen Mykoplasmen sowie bei 5 Beständen das Vorliegen von Virusinfektionen diagnostisch nachgewiesen (Tabelle 3).

Tabelle 3: Anzahl der Bestände mit vorhandenen Erkrankungen aufgeteilt nach Hobbyhaltern und Züchtern (NE: Nekrotisierende Enteritis)

	Aszites	NE	Mykoplasmosen	Parasitosen	Viruserkrankung
Hobbyhalter	3	2	4	9	3
Züchter	0	0	2	4	2

4.1.7 Anzahl der verwendeten Futtermittel

Die Geflügelhalter verfütterten überwiegend Körnerfutter (77 Bestände) sowie Obst und Gemüse (71 Bestände). Die verwendeten Futtermittel wurden anhand der Futterstruktur aufgetrennt, so dass bei der Pelletgabe 1 nicht-gewerblicher Zuchtbestand sowie 1 Hobbyhaltung hinzugezählt wurden, die Legekorn verfütterten. Zur Unterstützung der Legetätigkeit wurde außerdem bei 29 der 50 Zuchtbestände sowie bei 8 der 36 Hobbybestände Legemehl zugefüttert.

Als Ergänzungsmittel kamen Oregano (6 Bestände), Bierhefe (10 Bestände) sowie Milchprodukte (7 Bestände) zum Einsatz (Tabelle 4).

Tabelle 4: Einsatz von Futtermitteln durch Hobbyhalter und Züchter
(N: Anzahl der Halter, die das Futtermittel einsetzen)

	Körnerfutter	Pellets	Legemehl	Obst/Gemüse	Küchenabfälle	Oregano	Bierhefe	Milchprodukte
Hobbyhalter	35	4	8	33	24	3	2	3
Züchter	42	6	29	38	18	3	8	4

4.2 Ergebnisse der parasitologischen Untersuchungen

4.2.1 Anzahl durchgeführter parasitologischer Untersuchungen

Parasitologische Untersuchungen wurden bei 91 Kotproben durchgeführt. Dabei stammten 39 Kotproben aus Beständen von Hobbyhaltern und 52 Kotproben aus nicht-kommerziellen Zuchtbeständen.

Bei 3 Hobbyhalterbeständen bestand die Tierhaltung jeweils aus nur 2 Tieren, deren Kotproben nach Tier getrennt aufgesammelt und anschließend getrennt parasitologisch untersucht wurden. Zudem stammten 4 Kotproben von 2 gleichen Beständen, jeweils 1 Jungtier- und 1 Alttierbestand der gleichen Hühnerrasse, da auf Wunsch dieses Teilnehmers eine Wiederholungsuntersuchung zu einem späteren Zeitpunkt stattgefunden hat. Für die anschließende statistische Auswertung wurden sowohl diese Einzeltierproben, als auch diese Wiederholungsuntersuchungen jedes Mal auf Bestandsebene zusammengefasst, wobei in jedem Fall die höchste Anzahl des diagnostizierten Infektionserregers erfasst wurde.

Aufgrund der Kotkonsistenz konnte außerdem bei einer Kotprobe eines Züchters keine Flotationsuntersuchung durchgeführt werden. Bei dieser Probe enthielt der Kot eine derartige Gasansammlung, dass sich nach Durchführung der Flotationsuntersuchung der gesamte Kotanteil als eine Masse an der Oberfläche angesammelt hatte. Ein Überstand, in dem sich im positiven Falle Parasiteneier und Kokzidienoozysten ansammeln, konnte nicht entnommen werden.

Nach Poolen der Ergebnisse oben genannter Proben lagen somit 86 Untersuchungsergebnisse aus Nativausstrichen sowie 85 Ergebnisse aus Flotationsuntersuchungen vor.

Bei der statistischen Auswertung wurden die Ergebnisse aus der Nativ- und der Flotationsuntersuchung zusammengefasst, wobei jeweils die höchste Parasitenlast verwendet wurde. Bei 8 Beständen konnten in der Nativuntersuchung Parasiten diagnostiziert werden, die nicht in der Flotationsuntersuchung gefunden wurden. Bei allen anderen Kotproben traten zusätzliche Endoparasiten, sowie alle bereits im Direktausstrich gefundenen Infektionserreger in einer höheren Anzahl in der Flotationsuntersuchung auf.

4.2.2 Makroskopische Beurteilung des Kots

Bei der makroskopischen Beurteilung des Kotes, basierend auf der Kotfarbe, der Kotkonsistenz und auf unterschiedlichen Beimengungen, konnte kein Zusammenhang mit den diagnostizierten parasitären Erregern festgestellt werden. Beimengungen im Kot, wie Federn, Einstreu oder Sand, ließen keine Rückschlüsse auf Parasitenbefall zu, hier spielte die Untergrundbeschaffenheit im Bestand und das Vorgehen während der Koteinsammlung vermutlich eine große Rolle. So bestand zum Beispiel kein Zusammenhang zwischen Parasitenlast und Sandbeimengungen, das heißt, eine bei einer hohen Parasitenlast erhöhte Sandaufnahme durch die Tiere wurde nicht nachgewiesen.

4.2.3 Nachgewiesene Endoparasitengruppen

4.2.3.1 Relative Häufigkeiten aller diagnostizierter Endoparasitengruppen

Am häufigsten wurden Kokzidienoozysten mit einer relativen Häufigkeit von 72,94 % diagnostiziert, gefolgt von *Capillaria* mit 58,82 % und den Heterakiden mit 38,82 %.

Insgesamt wurden wie in Abbildung 21 dargestellt, 8 verschiedene Parasitengruppen während den parasitologischen Untersuchungen gefunden, und zwar *Coccidia*, *Heterakis*, *Ascaridia* (21,18 %), *Capillaria*, *Cestoda* (4,71 %), *Cyathostoma bronchialis* (2,35 %), *Amidostomum anseris* (7,06 %) und Spirurida (5,88 %).

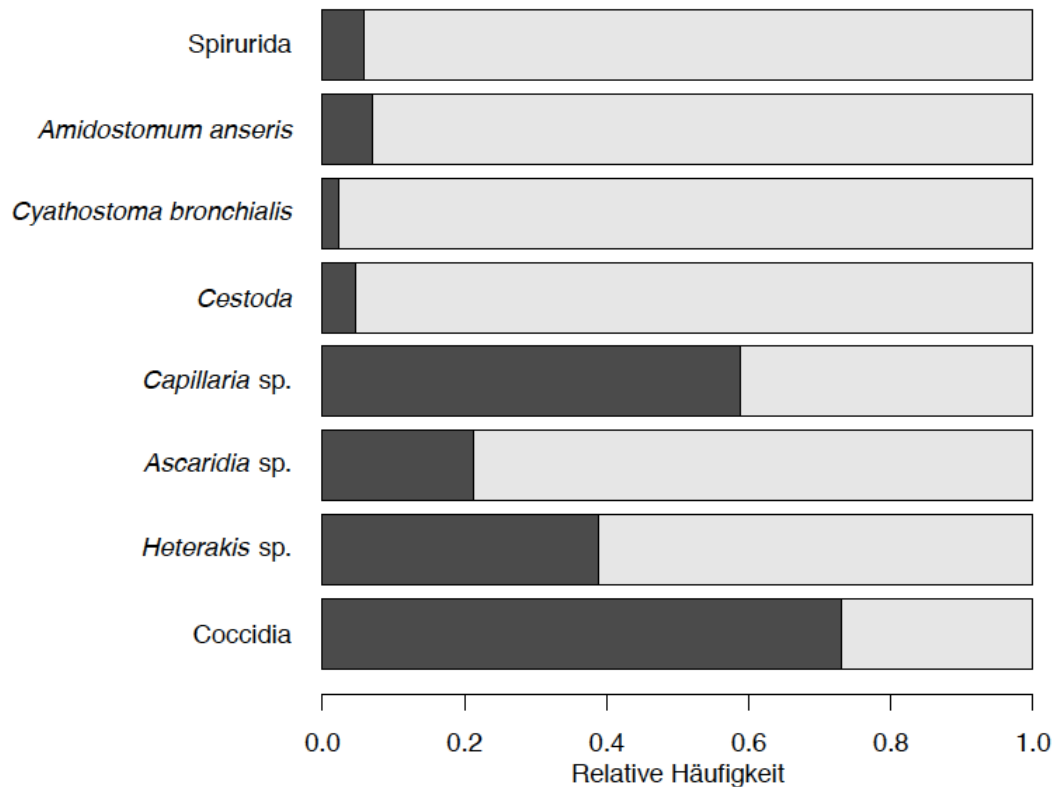


Abbildung 21: Relative Nachweishäufigkeiten von Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial

4.2.3.2 Anzahl diagnostizierter Erregergruppen je Kotprobe

Als Erregergruppen wurden die 8 verschiedenen diagnostizierten Parasitengruppen definiert. Verschiedene Arten einer dieser Gruppen entsprechen einer Erregergruppe.

In der Tabelle 5 sind die relativen Häufigkeiten diagnostizierter Erregergruppen je Kotprobe dargestellt.

Tabelle 5: Relative Häufigkeiten diagnostizierter Erregergruppen je Kotprobe

Relative Häufigkeiten (%) von Kotproben mit Nachweis von					
0 Erregergruppen	1 Erregergruppe	2 Erregergruppen	3 Erregergruppen	4 Erregergruppen	5 Erregergruppen
9,30	33,72	22,09	22,09	9,30	3,49

Die relative Häufigkeit negativer Kotproben lag bei 9,3 %. Bei den Kotproben aus Hobbyhaltungen wurden in 4 Proben mit beiden Untersuchungsverfahren keine Endoparasiten diagnostiziert. Die Tiere von 2 dieser 4 Bestände waren mit Antiparasitika vorbehandelt.

Bei den Untersuchungen der Proben aus Beständen der nicht-kommerziellen Zuchthaltungen war die Kotprobe negativ, bei der nur ein Direktausstrich durchgeführt werden konnte. Bei 5 Beständen waren sowohl der Direktausstrich als auch die Flotationsuntersuchung negativ, wobei 1 Probe aus einem der beiden Bestände stammt, bei denen eine Wiederholungsuntersuchung zur Überprüfung des Impferfolgs gegen Kokzidiose erfolgte.

Ein weiterer auf Endoparasiten negativ getesteter Bestand war ebenfalls mit Antiparasitika vorbehandelt.

Die Mehrfachinfektionen überwogen mit insgesamt 56,97 % bei weitem die Anzahl an Monoinfektionen. Doppelinfektionen kamen dabei genauso oft vor wie Kotproben mit 3 verschiedenen Endoparasitengruppen.

4.2.3.3 Relative Häufigkeiten diagnostizierter Endoparasitengruppen nach Geflügelgruppen aufgetrennt

Bei den Hühnern wurden mit einer relativen Häufigkeit von 76,81 % in den Beständen Kokzidienoozysten nachgewiesen, gefolgt von *Capillaria* mit 65,22 % und *Heterakis* mit 44,93 %.

Bei den Enten- und Gänsenbeständen wurden ebenfalls am häufigsten Kokzidien nachgewiesen (28,57 % respektive 66,67 %.) Abgesehen von den Haarwürmern wurden bei den Gänsen keine weiteren Endoparasiten im Kot diagnostiziert. Im Entenkot waren neben Kokzidienoozysten noch *Amidostomum anseris* und Spirurida vorhanden, und zwar mit einer relativen Häufigkeit von jeweils 14,29 %.

Bei den 4 Beständen mit bei Hühnervögeln nachgewiesenem Befall mit *Amidostomum anseris* wurde in den Fragebögen nur für einen Bestand kein Kontakt zu Wassergeflügel angegeben. 2 dieser Hühnerbestände hatten Umgang mit Entenvögeln und die Hühner eines Bestandes standen sogar in Kontakt mit Enten und Gänsen.

Cyathostoma bronichalis wurde insgesamt nur bei 2 Beständen diagnostiziert, und zwar bei einem Gemischt- und einem reinen Hühnerbestand, wobei der infizierte Hühnerbestand Wassergeflügel als Kontakttiere hatte.

Zestoden und Askariden wurden in dieser Studie nur in Kotproben von Hühnern gefunden (Abbildung 22).

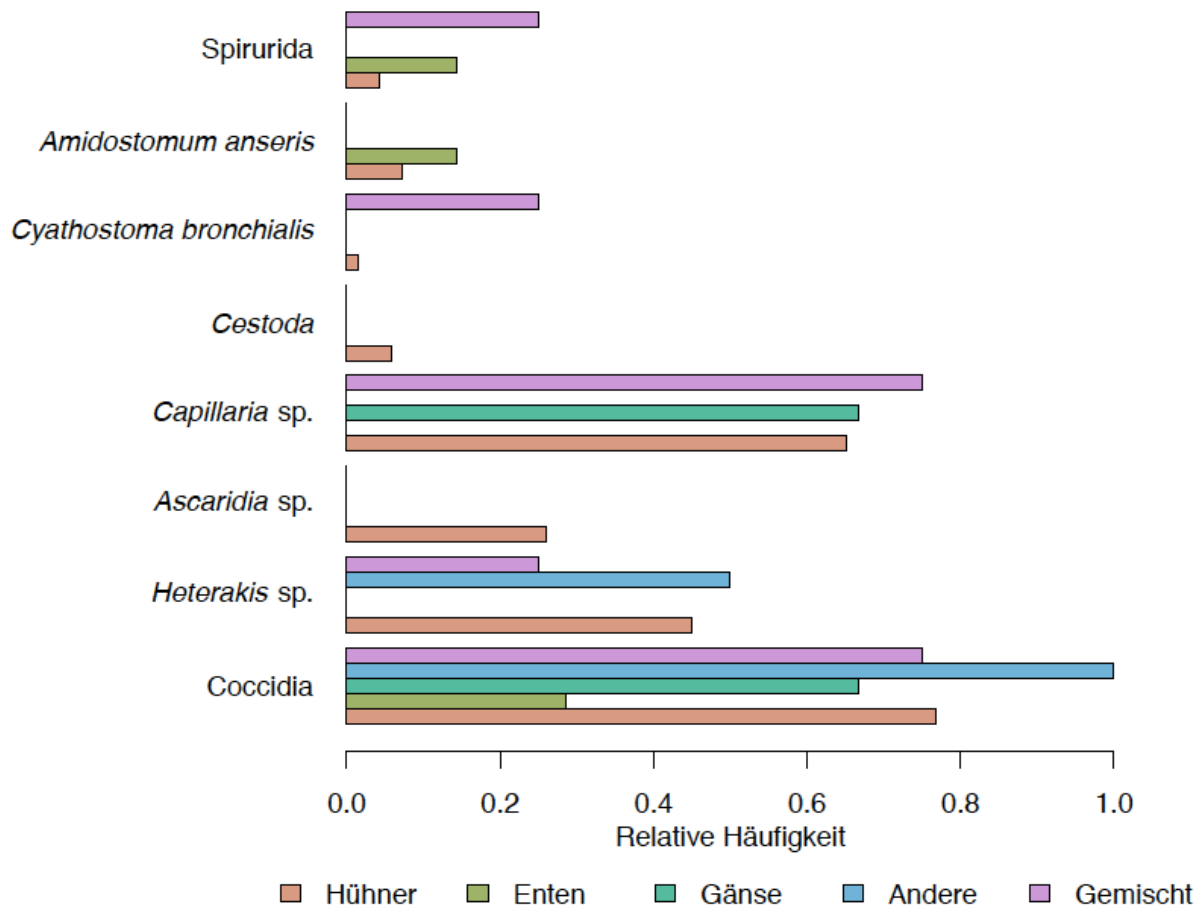


Abbildung 22: Anteil der Bestände (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen) mit nachgewiesenen Parasiten (die Parasiten sind nach Erregergruppen zusammengefasst)

4.2.3.4 Relative Häufigkeiten diagnostizierter Endoparasitengruppen aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

Die 3 am häufigsten diagnostizierten Endoparasitengruppen, und zwar *Coccidia*, *Capillaria* und *Heterakis*, wurden mit einer höheren relativen Häufigkeit bei den Hobbyhaltungen als bei den nicht-kommerziellen Zuchthaltungen nachgewiesen, wohingegen *Ascaridia*, *Amidostomum anseris* sowie *Cestoda* häufiger bei den Zuchthaltungen diagnostiziert wurden.

Spirurida und *Cyathostoma bronchialis* wurden nur bei den Zuchtbeständen gefunden (Abbildung 23).

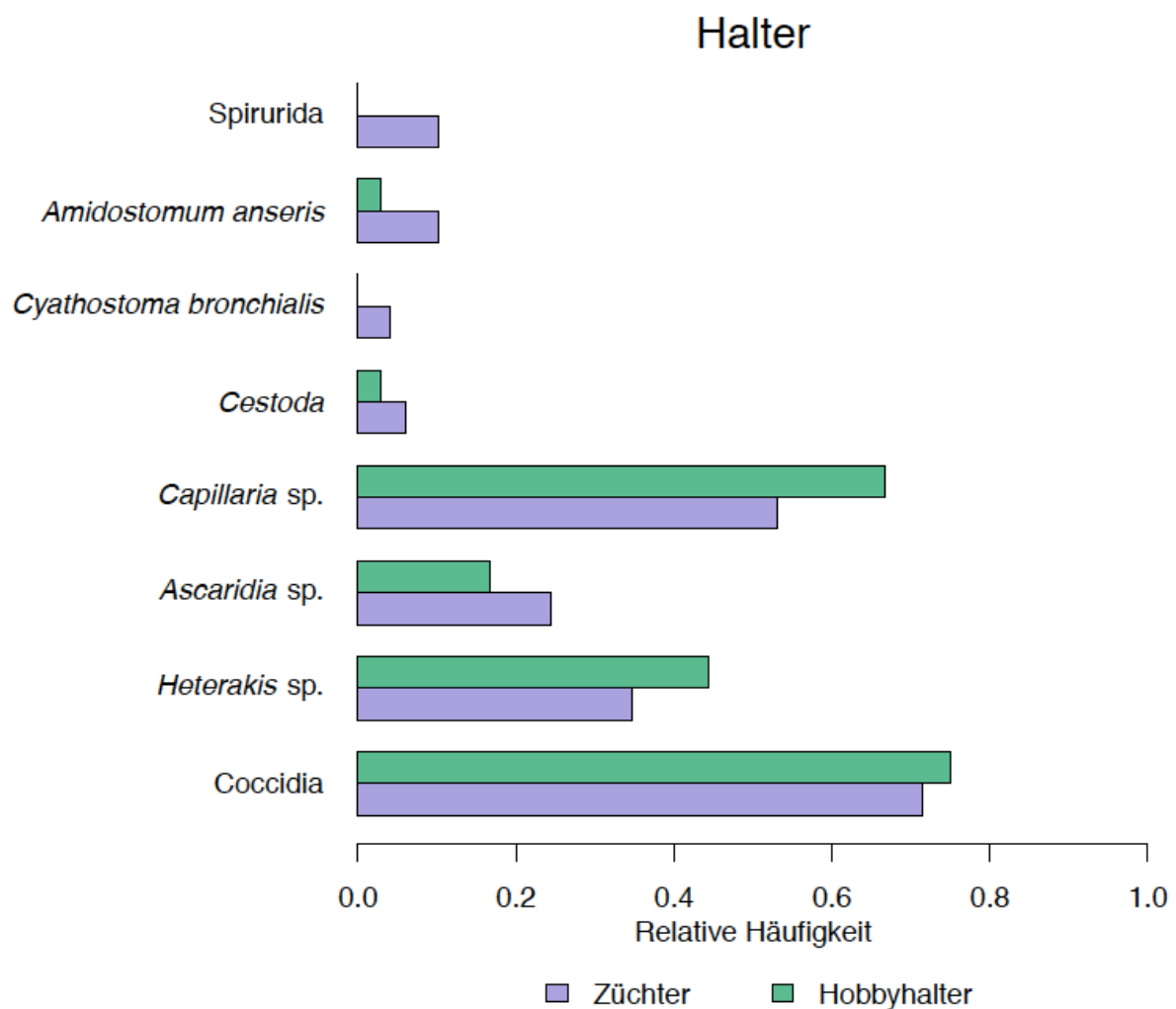


Abbildung 23: Relative Häufigkeiten der vorkommenden Endoparasitengruppen aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

4.2.3.5 Befallsintensitäten der diagnostizierten Endoparasitengruppen

Insgesamt war die Befallsintensität, also die Anzahl an Parasitenstadien in einer Kotprobe, in allen Beständen sehr gering (Grad 1) oder gering (Grad 2), so dass meistens nur vereinzelt oder weniger als 5 Kokzidienoozysten beziehungsweise Wurmeier je Gesichtsfeld unter dem Mikroskop gefunden wurden.

Bei *Heterakis* kam die relative Häufigkeit von mehr als 10 Wurmeiern sowie Kokzidienoozysten je Gesichtsfeld (Grad 4) häufiger vor als die niedrigere Befallsintensität mit 5-10 Parasitenstadien je Gesichtsfeld je Kotprobe (Grad 3). Die relativen Häufigkeiten der restlichen diagnostizierten Parasitengruppen nahmen hingegen zu den größeren Befallsintensitäten hin ab.

Eine nicht mehr zählbare Anzahl an Parasiten, die einer Befallsintensität von 5 entsprach, trat nur bei den Kokzidien auf (Abbildung 24).

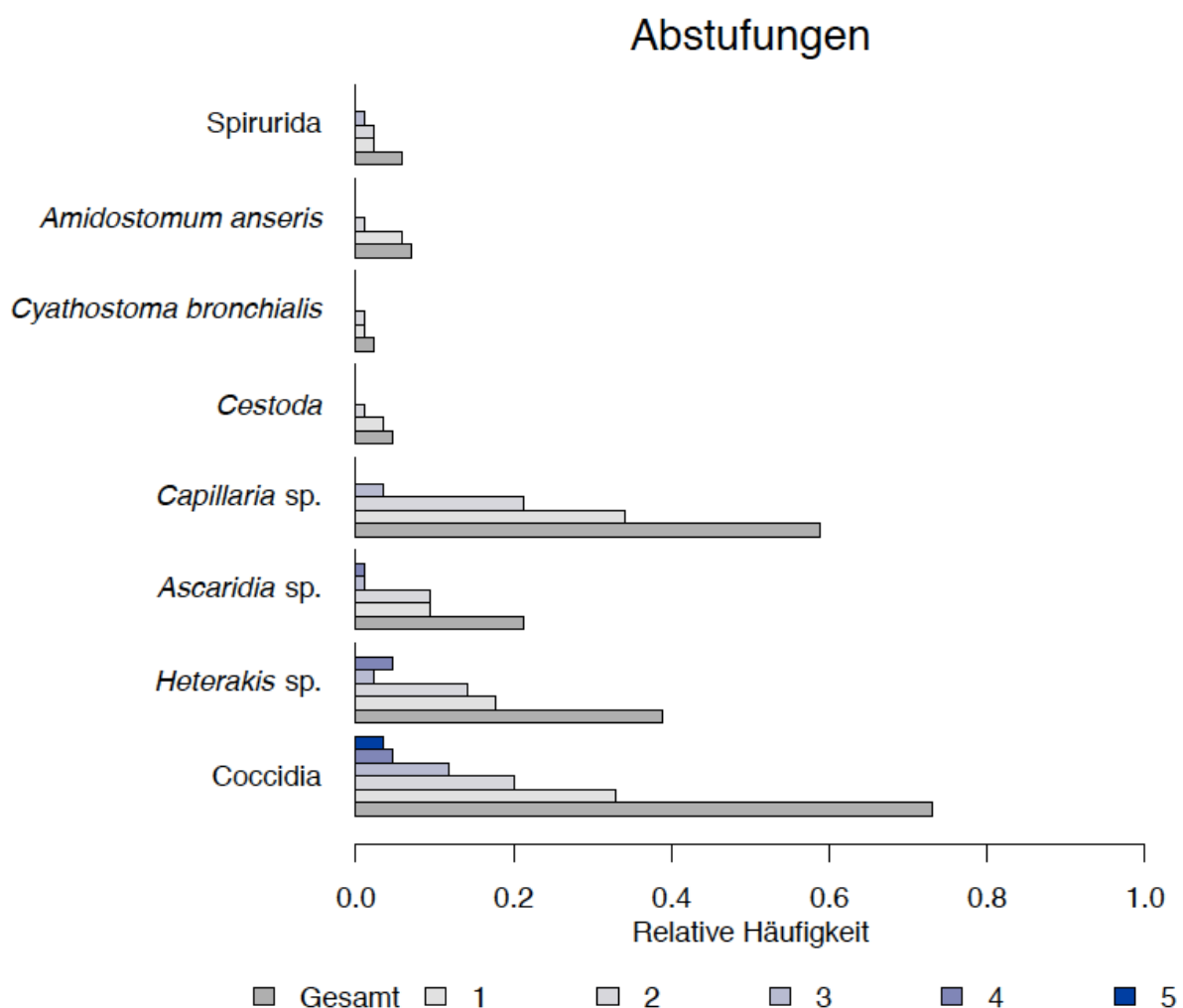


Abbildung 24: Befallsintensitäten der diagnostizierten Endoparasitengruppen

(Gesamt: relative Häufigkeit positiver Kotproben für die jeweilige Erregergruppe; 1: vereinzelt Eier/Oozysten auf dem Objektträger; 2: 1-5 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 3: 5-10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 4: >10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 5: nicht mehr zählbare Anzahl)

4.2.3.5.1 Befallsintensitäten von *Capillaria* sp., *Heterakis* sp. und *Coccidia* aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

Die drei Endoparasitengruppen *Capillaria*, *Heterakis* und *Coccidia* wurden in einer höheren Gesamthäufigkeit bei den Beständen der Hobbyhalter nachgewiesen.

Haarwürmer wurden bei den Tierbeständen aus Hobbyhaltungen überwiegend im geringen Ausmaß (Grad 2) gefunden. Bei den Züchtern hingegen lag ein Befall mit Kapillarien überwiegend in sehr geringen Ausmaßen (Grad 1) vor. Allerdings waren bei den Zuchtbeständen mehr Bestände mittelgradig (Grad 3) infiziert als bei den Hobbyhaltungen.

Heterakiden wurden bei den Zuchtbeständen überwiegend nur mit Grad 1 diagnostiziert und zudem war die Befallsintensität stets niedriger als Grad 3. Bei den Hobbyhaltern hingegen wurden bei einer größeren Anzahl an Beständen mehr als 10 Parasiteneier je Gesichtsfeld (Grad 4) gefunden.

Eine höchstgradige parasitäre Infektion lag bei allen Tierbeständen nur bei den Kokzidien vor. Für die 3 Bestände mit Kotproben mit einer nicht mehr zählbaren Anzahl an Kokzidienoozysten wurde eine Vorbehandlung mit Antiparasitika angegeben. Für die hochgradig positiven Kotproben konnte anhand der Fragebögen keine Gemeinsamkeit auf Bestandsebene festgestellt werden (Abbildung 25).

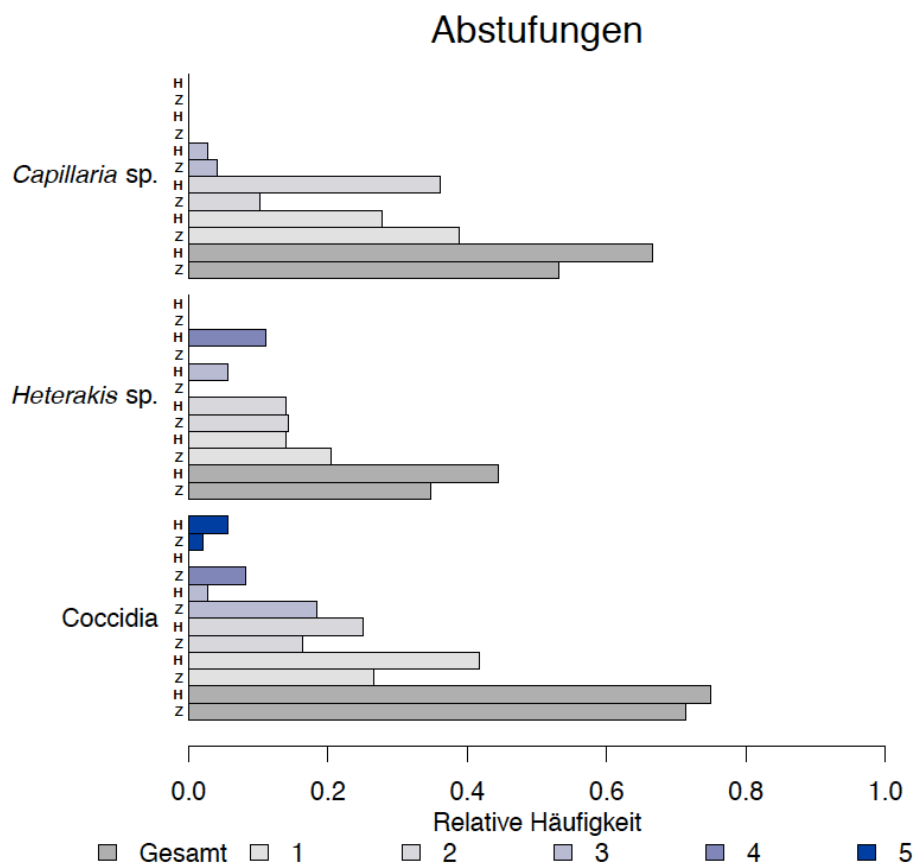


Abbildung 25: Befallsintensitäten der 3 am häufigsten diagnostizierten Endoparasitengruppen aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

(H: Hobbyhalter; Z: Züchter; Gesamt: relative Häufigkeit positiver Kotproben für die jeweilige Erregergruppe; 1: vereinzelt Eier/Oozysten auf dem Objektträger; 2: 1-5 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 3: 5-10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 4: >10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 5: nicht mehr zählbare Anzahl)

4.2.4 Einfluss von Kovariablen

4.2.4.1 Endoparasiten in Kotproben bei Einsatz von pharmazeutischen Stoffen

Bei Beständen mit vorberichtlich angegebenen antibiotischen oder antiparasitischen Therapien kamen Kokzidien mit einer höheren relativen Häufigkeit (80 % respektive 80,95 %) vor als im Gesamtanteil, der 72,94 % beträgt. Da derzeit mit mikroskopischen Verfahren nicht zwischen Feldkokzidien und Impfkokzidien unterschieden werden kann, erfasst die relative Häufigkeit der diagnostizierten Kokzidiosen bei den gegen Kokzidiose geimpften Hühnerbeständen sowohl die Impfstämme als auch mögliche Feldstämme.

Bei den antibiotisch vorbehandelten Beständen beträgt der Anstieg nachgewiesener *Capillaria* 1,18 % und bei Gabe von Kokzidiostatikum-haltigem Futter stiegen die Nachweise um 7,85 % im Vergleich zum Gesamtprozentsatz von 58,82 %.

Bei Verwendung von Kokzidiose-Impfstoff stieg die relative Häufigkeit diagnostizierter *Ascaridia*-Infektionen um 12,15 %. Die Nachweisrate sank im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 21,18 % am bedeutendsten ab bei antiparasitisch vorbehandelten Beständen (Abnahme um 11,66 %).

Erhielten die Hühner ein Futtermittel mit enthaltenem Kokzidiostatikum, erhöhte sich die relative Häufigkeit diagnostizierter Heterakiden im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 38,82 % auf 50 % (Abbildung 26).

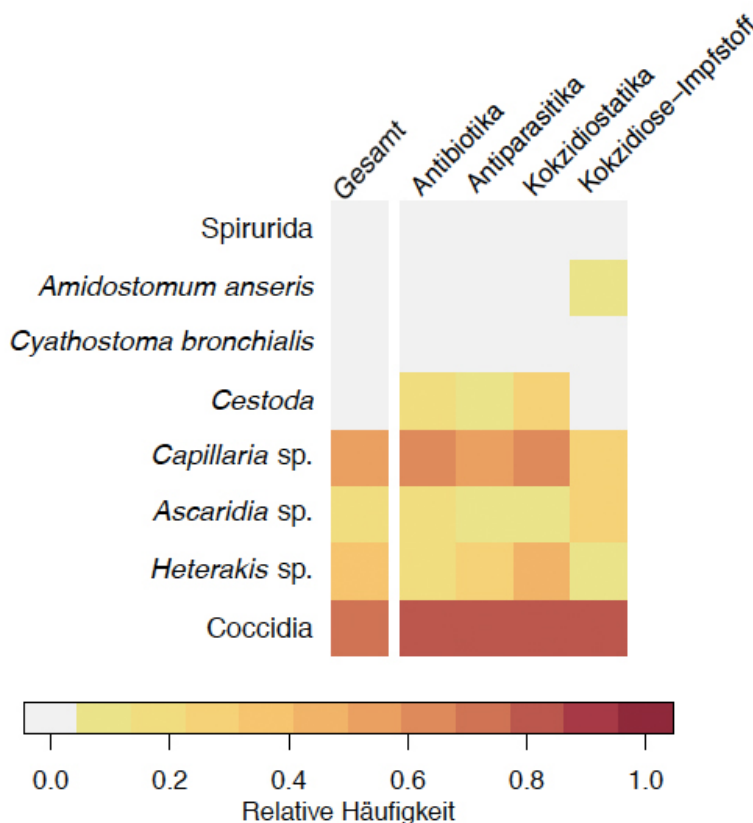


Abbildung 26: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten vorkommender Endoparasitengruppen bei Einsatz von pharmazeutischen Stoffen

4.2.4.2 Anzahl nachgewiesener Endoparasitengruppen bei Beständen mit vorliegenden Symptomen

Bei dem einzigen Bestand mit beschriebenem Augen- und Nasenausfluss sowie bei den Beständen mit vorhandenen respiratorischen Symptomen sanken die relativen Häufigkeiten nachgewiesener Kokzidiosen deutlich ab, wohingegen bei den übrigen Symptomen ein Anstieg im Vergleich zum Durchschnittswert stattfand.

Ebenso fand bei den Heterakiden bei Vorhandensein von Symptomen in den Beständen überwiegend ein Anstieg nachgewiesener Wurmeier statt.

Die relative Häufigkeit von *Ascaridia* stieg nur bei den 3 Beständen mit beschriebenem Federpicken deutlich an, nämlich um 12,15 % im Vergleich zum Gesamtanteil, der 21,18 % beträgt.

Abgesehen von Beständen mit von den Tierhaltern beobachtetem Federpicken stiegen die relativen Häufigkeiten von *Capillaria* bei allen anderen aufgelisteten Symptomen im Vergleich zum Mittelwert an. Der deutlichste Anstieg erfolgte bei dem Bestand mit Augen- und Nasenausfluss (Anstieg um 41,18 %) sowie bei jeweils 4 Beständen mit niesenden respektive lahrenden Tieren (Anstieg um jeweils 16,18 %) innerhalb der gehaltenen Tiergruppen.

Ein Anstieg der relativen Häufigkeiten von *Amidostomum anseris* und von *Cyathostoma bronchialis* trat lediglich bei beschriebenen Federverlusten (17,94 % respektive 10,15 %) auf.

Diese kamen laut Fragebogen bei 8 der insgesamt 86 Bestände vor.

Spirurida traten nicht häufiger auf, wenn eines der angeführten Symptome von den Besitzern im Bestand beobachtet wurde.

Die insgesamt geringen Funde von Bandwürmern traten mit einer größeren relativen Häufigkeit bei 6 der insgesamt 8 aufgelisteten Symptomen auf. Bei Vorliegen von Durchfällen sowie Atemgeräuschen kam es zu sehr geringen Anstiegen von 1,17 % respektive 2,98 %, die nicht in der Abbildung 27 ersichtlich sind.

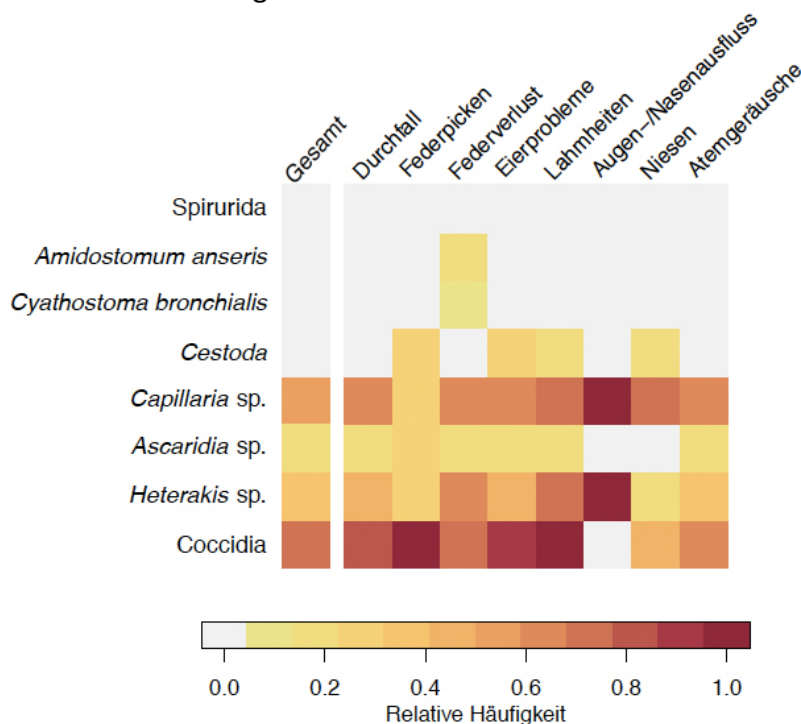


Abbildung 27: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten vorkommender Endoparasitengruppen bei Beständen mit Vorliegen von Symptomen

4.2.4.3 Anzahl nachgewiesener Endoparasitengruppen bei Beständen mit vorliegenden Erkrankungen

Bei den 2 Beständen mit an nekrotisierender Enteritis erkrankten Tieren und bei Beständen mit labordiagnostisch nachgewiesenen Mykoplasmosen sowie Viruserkrankungen stiegen die Nachweise von Kokzidienoozysten im Vergleich zur Gesamthäufigkeit um 27,06 %, 10,39 % respektive 7,06 % an.

Die relative Häufigkeit nachgewiesener *Capillaria* sank einzig bei den Beständen ab, bei denen die Geflügelhalter ausgeschiedene Würmer im Tierkot gesehen hatten. Diese Abnahme betrug 12,67 % im Vergleich zum Gesamtanteil von 58,82 %. Bei den 5 Beständen mit diagnostizierten Viruserkrankungen fand ein sehr geringer Anstieg statt, wohingegen bei den übrigen Erkrankungen eine deutliche Steigerung diagnostizierter *Capillaria*-Infektionen auf eine relative Häufigkeit von 100 % registriert wurde.

Beim Vorliegen von Erkrankungen sanken die relativen Häufigkeiten von *Ascaridia* und *Heterakis* ab. Im Gegenzug stiegen die Nachweise von *Cyathostoma bronchialis* in den 6 Beständen mit nachgewiesenen Mykoplasmosen sowie sich die Anzahl diagnostizierter Infektionen mit *Amidostomum anseris* bei Vorliegen von Parasitosen im Vergleich zur Gesamthäufigkeit erhöhte (Abbildung 28).

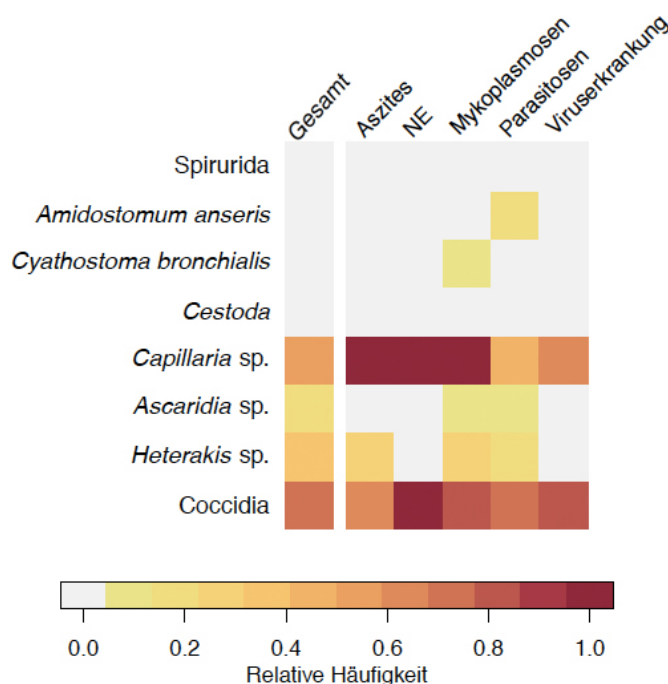


Abbildung 28: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten vorkommender Endoparasitengruppen bei Beständen mit Vorliegen von Erkrankungen (NE: Nekrotisierende Enteritis)

4.2.4.4 Einfluss von Futtermitteln auf die parasitäre Befallsintensität

Bei Verwendung von Körnerfutter kam es bei allen nachgewiesenen Endoparasitengruppen zu Veränderungen der relativen Häufigkeiten im Vergleich zur Gesamthäufigkeit um weniger als 5 %.

Die 10 Tierbestände die Pellets erhielten, hatten abgesehen von Cestoda und Spirurida, bei denen ein Anstieg der relativen Häufigkeit um 5,29 % respektive 4,12 % beobachtet wurde, weniger ausgeschiedene Endoparasitenstadien im Kot.

Das Angebot von Legemehl hatte für alle vorkommenden Endoparasitengruppen eine maximale Abnahme sowie Zunahme der relativen Häufigkeit vergleichend zum Gesamtanteil um weniger als 10 % zur Folge.

Bei Verfütterung von Obst, Gemüse und Küchenabfällen fanden bei allen Parasitengruppen Verschiebungen der Nachweishäufigkeiten von weniger als 5 % statt.

Erhielten die Tierbestände als Futterzusatz Oregano, kam es zu einem Absinken der relativen Häufigkeiten von 38,82 % auf 20 % bei den Nachweisen von *Heterakis* und von 58,82 % auf ebenfalls 20 % bei *Capillaria*. Nur die Anzahl an Kokzidienoozysten stieg bei diesen 6 Beständen um 7,06 % im Vergleich zum Gesamtanteil an.

Bei Gabe von Bierhefe wurden vermehrt Zestoden und Kokzidien diagnostiziert (Anstieg um 6,4 % respektive 15,95 %).

Bei den 7 Tierbeständen die Milchprodukte erhielten, nahm ebenfalls nur die Kokzidienanzahl (Anstieg um 12,77 %) zu. Außerdem wurden bei diesem Futterzusatz ausschließlich *Coccidia* und *Capillaria* nachgewiesen (Abbildung 29).

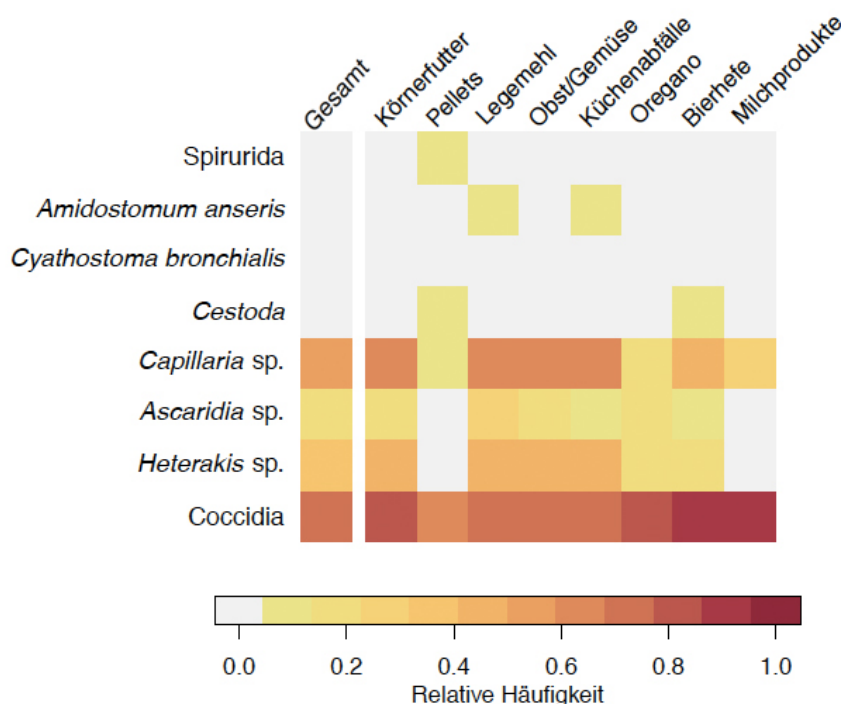


Abbildung 29: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten vorkommender Endoparasitengruppen bei Verwendung unterschiedlicher Futtermittel

4.3 Ergebnisse der bakteriologischen Untersuchungen

4.3.1 Anzahl durchgeführter bakteriologischer Untersuchungen

Bakteriologische Verdünnungsreihen wurden aus Kotproben von 86 Beständen angefertigt. 36 der für die Verdünnungen verwendeten Kotproben stammten aus Hobbybeständen und 50 aus Zuchtbeständen.

Insgesamt wurden in der aeroben und anaeroben Anzucht sowie in der Salmonellen-Anreicherung 1809 Bakterienkolonien angezüchtet und anschließend differenziert. Bei 86 untersuchten Beständen wurden also im Schnitt 21 Bakterienkolonien pro Bestand angezüchtet.

Von dieser Gesamtanzahl an Kolonien konnten nach Anwendung aller Differenzierungsmethoden, die bei dieser Arbeit zum Einsatz kamen, insgesamt 39 Kolonien nicht identifiziert werden. Dies entspricht einem Anteil von 2,16 %.

4.3.2 Anzahl differenzierter Bakteriengattungen und -spezies

Nach aerober und anaerober Anzucht sowie der Salmonellen-Anreicherung wurden 40 verschiedene Bakteriengattungen und 91 verschiedene Bakterienspezies differenziert. Von diesen 91 Spezies konnten 23 nicht eindeutig identifiziert werden, so dass die Gattung mit der nachfolgenden Bezeichnung „sp.“ als Namensgebung verwendet wurde. Unter diesen nicht eindeutig identifizierbaren Spezies sind auch nah verwandte Bakterien einer Gattung vertreten, die anhand der MALDI-TOF Massenspektrometrie laut Hersteller nicht sicher unterscheidbar sind. So sind die bei dieser Studie isolierten Spezies der Gattung *Lactobacillus*, nämlich die 4 Spezies *L. acidophilus*, *L. amylovorus*, *L. gallinarum* und *L. kitasatonis* nicht eindeutig voneinander unterscheidbar, genauso wie die beiden Spezies *L. crispatus* und *L. ultunensis* untereinander nicht klar abgrenzbar sind. Bei der Gattung *Streptococcus* ist die isolierte Spezies *S. gallolyticus* nicht eindeutig von 3 weiteren Spezies, nämlich *S. equinus*, *S. infantarius* und *S. lutetiensis* unterscheidbar. Zudem ist *Klebsiella oxytoca* mittels MALDI-TOF nicht eindeutig von 3 Spezies der Gattung *Raoultella* unterscheidbar, die da wären *Raoultella ornithinolytica*, *R. plantiola* und *R. terrigena*.

Die vollständige Auflistung der relativen Häufigkeiten aller isolierter Bakterien befindet sich im Anhang (Tabelle 16-22).

4.3.2.1 Relative Häufigkeiten der 11 am häufigsten isolierten Bakterien

Im Folgenden wird auf die bei der Differenzierung der 1809 Bakterienkolonien am häufigsten nachgewiesenen Bakteriengattungen oder –spezies näher eingegangen. Das Vorkommen der 11 häufigsten Bakterien aus allen in dieser Studie untersuchten Kotproben ist in Abbildung 30 dargestellt.

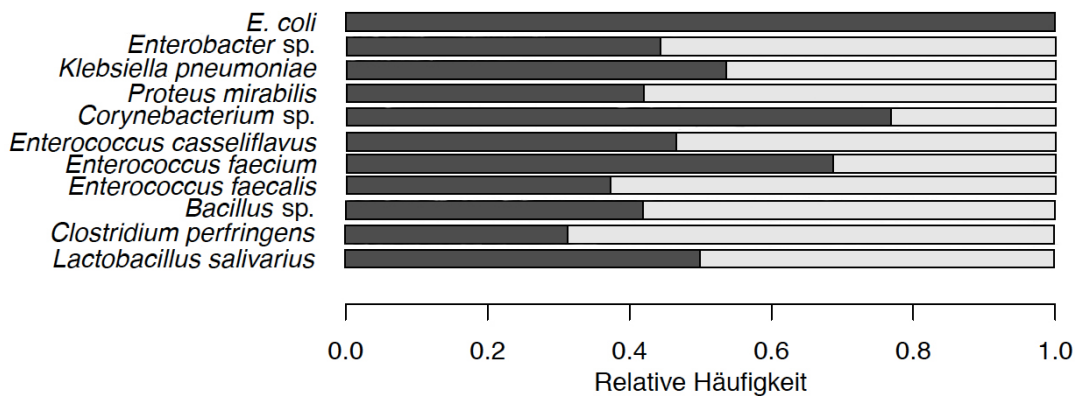


Abbildung 30: Relative Nachweishäufigkeiten der 11 am häufigsten isolierten Bakterien im gesamten Probenmaterial

Aus jeder Kotprobe wurde als ubiquitärer Darmbesiedler *Escherichia coli* differenziert. Am zweithäufigsten wurden Isolate der Gattung *Corynebacterium* mit einer relativen Häufigkeit von 76,74 % angezüchtet.

Die bei dieser Studie isolierten *Enterobacter*-Spezies waren größtenteils Mitglieder des *Enterobacter cloacae*-Komplexes. Allerdings wurde aufgrund der nahen Verwandtschaft dieser Spezies mit einhergehender unsicherer Differenzierung mittels MALDI-TOF nach der Empfehlung des Herstellers die Bezeichnung „sp.“ für diese Isolate verwendet. Die relative Häufigkeit nachgewiesener *Enterobacter* sp. betrug 44,19 %.

Ebenfalls zu den 11 am häufigsten isolierten Bakterien zählen *Enterococcus faecium* (68,60 %), *Klebsiella pneumoniae* (53,49 %), *Lactobacillus salivarius* (50 %), *Enterococcus casseliflavus* (46,51 %), *Proteus mirabilis* (41,86 %), *Bacillus* sp. (41,86 %), *Enterococcus faecalis* (37,21 %) sowie *Clostridium perfringens* (31,40 %).

4.3.2.2 Die 11 am häufigsten isolierten Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen

Corynebacterium sp. wurde zu 100 % bei den reinen Gänsehaltungen und bei den beiden aus Wassergeflügel bestehenden Gemischtbeständen isoliert. Die relativen Häufigkeiten der Nachweise von *Corynebacterium* sp. betrugen bei den Hühnerbeständen 77,14 % und bei den reinen Entenbeständen 71,43 %. Bei dem Pfauen- sowie Perlhühnerbestand wurde dieses Bakterium ebenfalls diagnostiziert.

Enterococcus casseliflavus kam zu 100 % bei den Gänsebeständen und dem Perlhühner- sowie dem Pfauenbestand vor. Die relative Häufigkeit nachgewiesener Isolate bei den reinen Entenbeständen lag mit 57,14 % über der Gesamthäufigkeit von 46,51 %. Bei den Gemischtbeständen erfolgte ein Nachweis bei einem der beiden aus Wassergeflügel bestehenden Beständen.

Obwohl *Enterococcus faecalis* in keiner Kotprobe von nur einer gehaltenen Wassergeflügelspezies vorkam, so erfolgte doch ein Nachweis beim Wassergeflügel bei den Gemischtbeständen.

Enterococcus faecium wurde aus beiden Puten- und Perlhühner-Gemischtbeständen isoliert.

Klebsiella pneumoniae kam bei dem reinen Perlhühnerbestand vor.

Lactobacillus salivarius wurde in keinem Wassergeflügelbestand diagnostiziert, also weder in den Beständen mit reiner Enten- oder Gänsehaltung, noch in den beiden Gemischthalungen mit Enten und Gänsen. Es erfolgte hingegen eine Isolierung aus dem Pfauenbestand.

Enterobacter sp. wurden überwiegend aus den reinen Enten- (71,43 %) und Gänsebeständen (66,67 %) isoliert, allerdings erfolgte kein Nachweis aus einem Gemischtbestand.

Die nicht näher differenzierten Isolate der Gattung *Bacillus* kamen mit einer höheren relativen Häufigkeit bei den reinen Gänsehaltungen (66,67 %) als bei den reinen Entenhaltungen (14,29 %) vor. Es erfolgte zudem ein Nachweis beim Perlhühnerbestand.

Proteus mirabilis wurde weder beim Pfauen- und beim Perlhühnerbestand, noch bei den beiden Gemischtbeständen bestehend aus Puten und Perlhühnern isoliert.

Clostridium perfringens wurde nicht beim Pfauenbestand nachgewiesen, allerdings in jeweils einem Gemischtbestand bestehend aus Puten und Perlhühnern sowie Enten und Gänsen. Die relative Häufigkeit lag mit 14,29 % bei den reinen Entenbeständen deutlich unter dem Gesamtanteil von 31,4 % sowie den Werten aus den reinen Gänsebeständen (33,33 %) und den Hühnerhaltungen (32,86 %) (Abbildung 31).

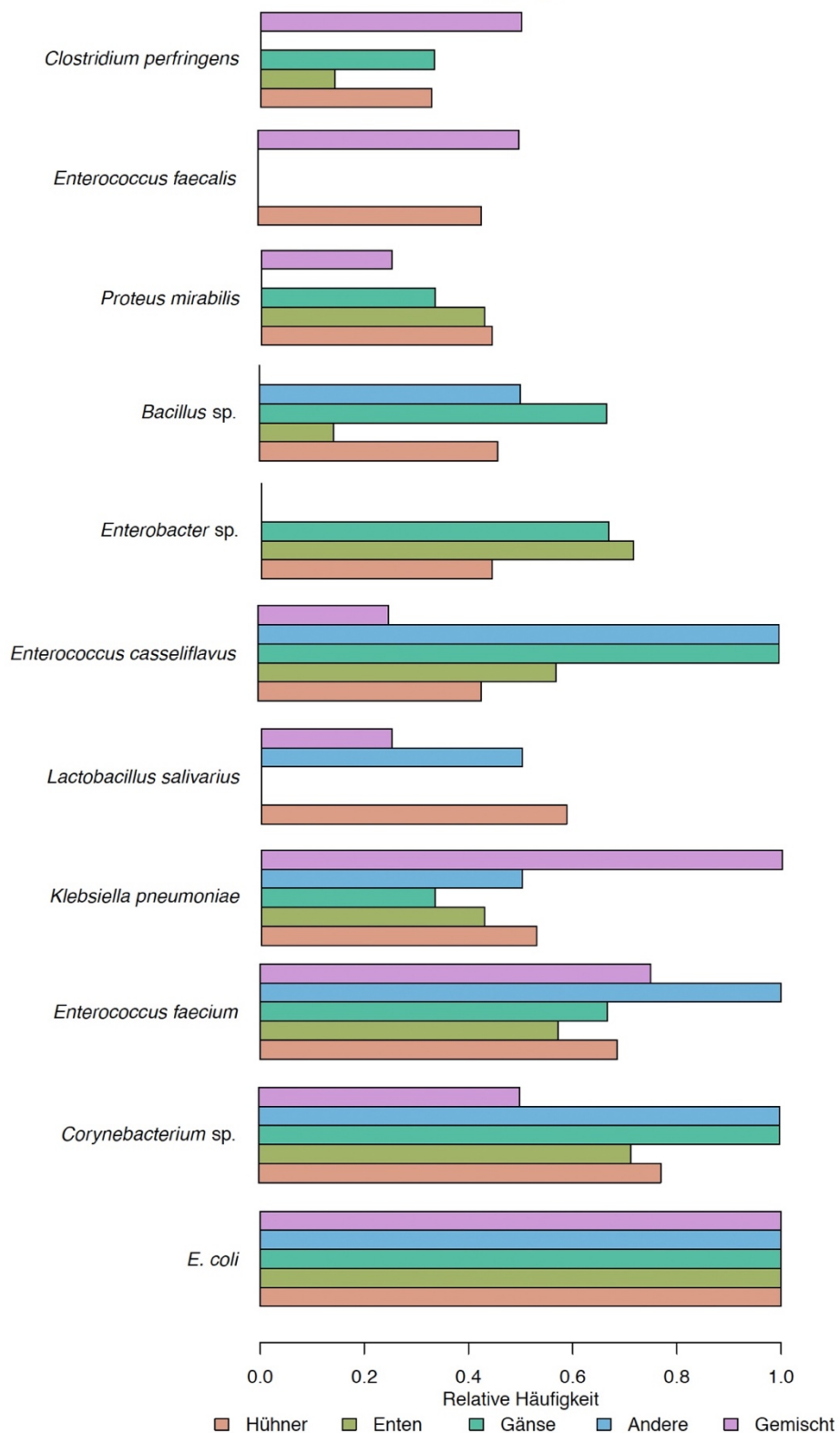


Abbildung 31: Relative Häufigkeiten der 11 meistdiagnostizierten Bakterien in aufsteigender Reihenfolge aufgetrennt nach Tiergruppen (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen)

4.3.3 Vorkommen von potentiell geflügelpathogenen Bakterien

4.3.3.1 Relative Häufigkeiten einiger potentiell geflügelpathogener Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen

Als potentiell geflügelpathogene Keime wurden einige fürs Geflügel primär pathogene sowie fakultativ pathogene Bakterien ausgewählt. Dazu zählt die Gattung *Enterococcus* mit den differenzierten Spezies *E. mundtii*, *E. columbae*, *E. gallinarum*, *E. durans*, *E. aquimarinus*, *E. cecorum*, *E. hirae* sowie 3 weitere Spezies, die unter den 11 häufigsten isolierten Bakterien bereits aufgelistet wurden. Weiterhin wurden *Alcaligenes faecalis*, *Gallibacterium anatis* und nicht näher differenzierte Isolate der Gattung *Lactococcus* sowie die Spezies *L. garviae* und *L. lactis* näher untersucht. Alle 13 ausgewählten Keime sind in der Abbildung 32 dargestellt.

Die nicht näher differenzierten Isolate der Gattung *Enterococcus* wurden mit einer erhöhten relativen Häufigkeit von 24,42 % im Vergleich zur Gesamthäufigkeit bei den Enten- (57,14 %) sowie Gänsebeständen (33,33 %) und einer verminderten relativen Häufigkeit bei den Hühnerbeständen (18,57 %) nachgewiesen. Ebenso wurde *Enterococcus hirae* im Vergleich zum Gesamtprozentsatz (11,63 %) weniger häufig in den Hühnerbeständen (8,57 %) isoliert, hingegen häufiger in den reinen Entenbeständen (28,57 %) und jeweils in einem Gemischtbestand bestehend aus Enten und Gänsen sowie Puten und Perlhühnern.

Der Gemischtbestand mit Isolierung von *E. columbae* bestand aus Enten und Gänsen.

Bei *E. durans* und *E. cecorum* erfolgte hingegen kein Nachweis beim Wassergeflügel.

Von den 10 Beständen mit Nachweis von *Enterococcus aquimarinus* hatten 2 Kontakt zu Gewässer, wohingegen bei 7 von diesen 10 Beständen vorberichtlich Kontakt zu einer anderen Geflügelart bestand.

E. gallinarum wurde ausschließlich bei 3 Hühnerbeständen isoliert. Ein gemeinsamer Faktor zwischen diesen Geflügelhaltungen konnte anhand der Fragebögen nicht ermittelt werden.

Obwohl *Alcaligenes faecalis* - insgesamt in 7 Beständen isoliert - in keinem reinem Enten- oder Gänsebestand nachgewiesen wurde, erfolgte ein Nachweis bei einem der beiden Wassergeflügel-Gemischtbeständen. Es gelang keine Isolierung dieses Bakteriums bei Puten und Perlhühnern, allerdings erfolgte eine Anzucht beim untersuchtem Pfauenbestand.

Die Isolate der Gattung *Lactococcus* wurden bei einem Hühnerbestand sowie bei 2 reinen Enten- und einem reinem Gänsebestand angezüchtet. Einer der Entenbestände hatte vorberichtlich keinen Kontakt zu weiterem Geflügel. Der Hühnerbestand mit den isolierten *Lactococcus garviae* hatte Kontakt zu Puten, die neben den Hühnern von diesem Studienteilnehmer gehalten wurden. Der Entenbestand, bei dem dieser Keim isoliert wurde, hatte seinerseits Kontakt zu Hühnern. Der Gänsebestand mit dem nicht bis auf Spezies-Ebene differenziertem Isolat hatte seinerseits Kontakt zu Hühnern und Enten.

Gallibacterium anatis wurde in 2 Beständen isoliert. Diese Nachweise erfolgten bei einem Hühner- und einem Entenbestand.

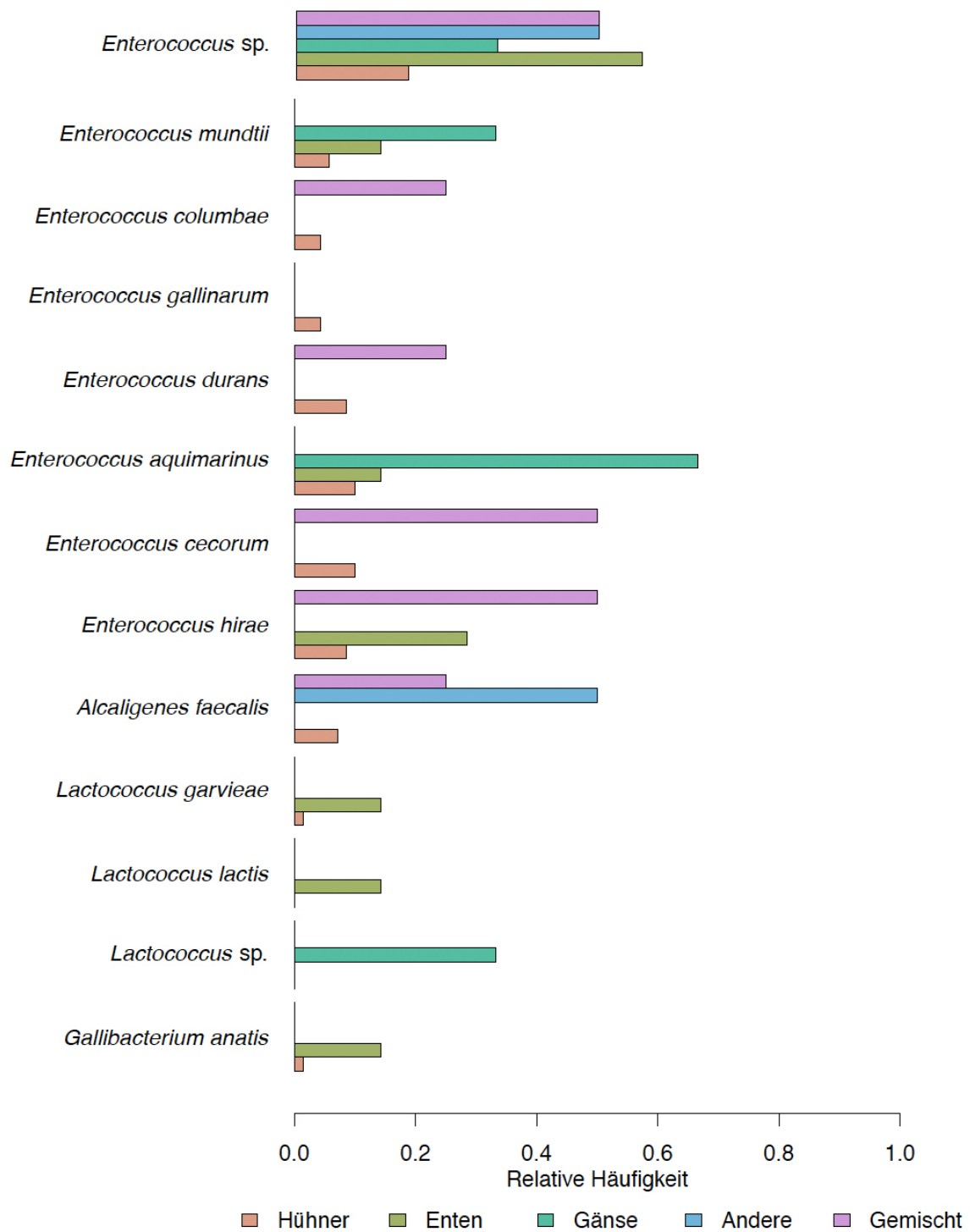


Abbildung 32: Relative Häufigkeiten einiger potentiell geflügelpathogener Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen)

4.3.3.2 Relative Häufigkeiten einiger potentiell geflügelpathogener Bakterien aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

Fasst man alle nicht näher differenzierten Enterokokken, welche als „sp.“ angeführt werden, als ein Taxon zusammen, so wurden insgesamt 11 verschiedene Taxa der Gattung *Enterococcus* nachgewiesen. Von diesen 11 wurden 7 Spezies mit einer höheren relativen Häufigkeit in den Zuchtbeständen als bei den Hobbybeständen nachgewiesen. Die am häufigsten isolierte Enterokokkenspezies, *E. faecium*, wurde mit einer relativen Häufigkeit von 72 % bei den nicht-kommerziellen Zuchthaltungen und mit 63,89 % bei den Hobbyhaltungen nachgewiesen. Die zweithäufigste Spezies, *E. casseliflavus*, überwog hingegen mit 55,56 % bei den Hobbybeständen.

E. faecalis und *E. cecorum*, die für Geflügel relevantesten Arten, wurden bei Zucht- und Hobbyhalterbeständen unterschiedlich häufig nachgewiesen. *E. faecalis* wurde mit einer höheren relativen Häufigkeit bei Tieren von Hobbyhaltern (44,44 % respektive 32 %), *E. cecorum* hingegen häufiger bei Tieren von Züchtern (14 %, respektive 5,56 %) isoliert.

Bei den Hobbyhaltungen wurden höhere relative Häufigkeiten bei *Gallibacterium anatis* und den Laktokokken gefunden, wohingegen *Alcaligenes faecalis* in den nicht-kommerziellen Zuchthaltungen überwog (Abbildung 33).

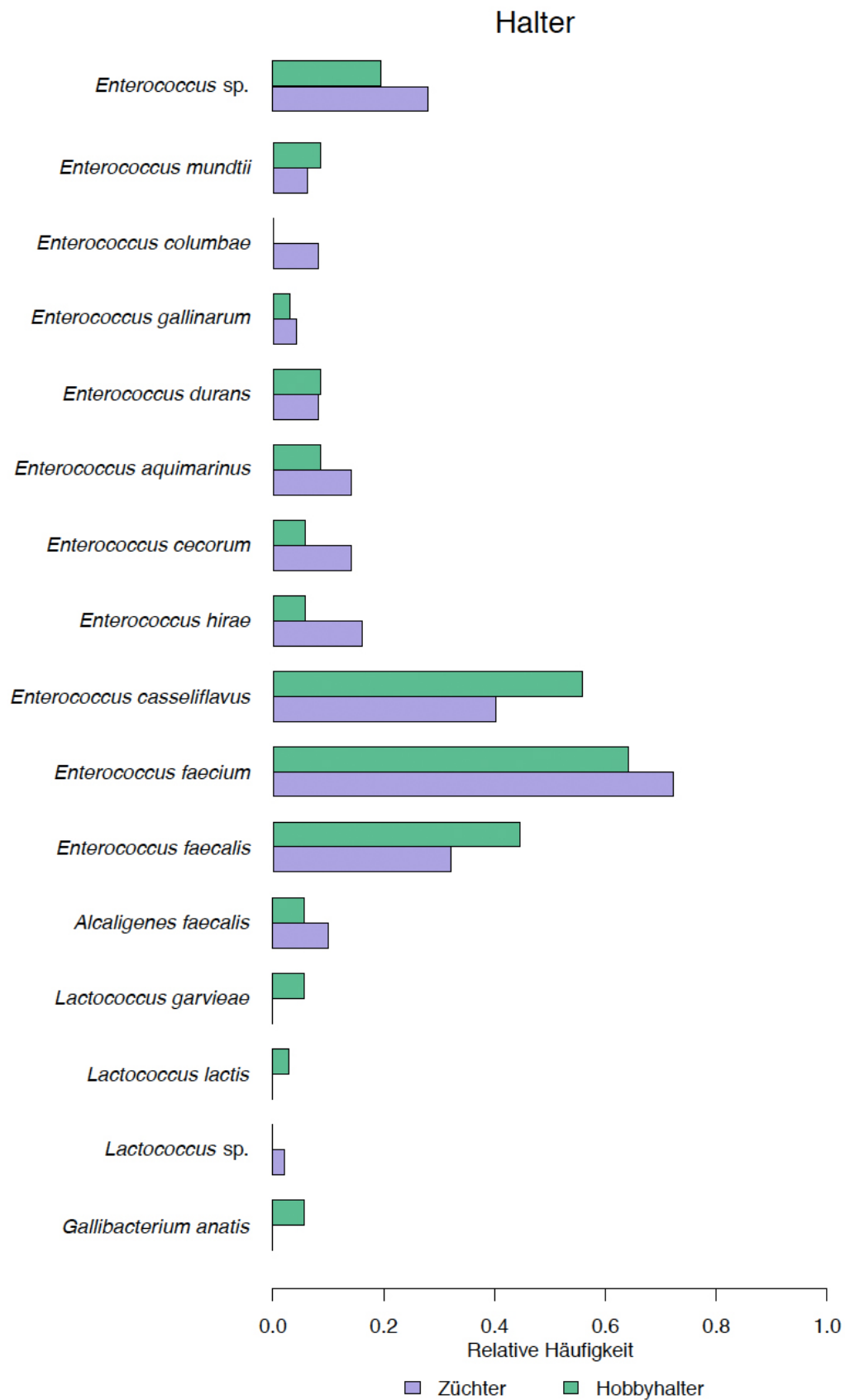


Abbildung 33: Relative Häufigkeiten einiger potentiell geflügelpathogener Bakterien aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

4.3.4 Vorkommen von potentiell humanpathogenen Bakterien

4.3.4.1 Relative Häufigkeiten einiger potentiell humanpathogener Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen

Als potentiell humanpathogene Keime wurden einige für den Menschen fakultativ pathogene Bakterien ausgewählt. Kommt es bei diesen Keimen zu opportunistischen Infektionen, können diese zu schwerwiegenden Erkrankungen führen.

Dazu zählt die Gattung *Staphylococcus* mit den Spezies *Staphylococcus lugdunensis*, *Staph. saprophyticus*, *Staph. vitulinus*, *Staph. lentus*, *Staph. equorum*, *Staph. epidermidis*, *Staph. succinus*, *Staph. sciuri* sowie *Staph. xylosus*. Hinzu kommen 6 Isolate, bei denen keine Bestimmung der Spezies gelang, so dass diese als *Staphylococcus* sp. zusammengefasst wurden. Weiterhin wurden *Cronobacter sakazakii*, *Aerococcus viridans* und nicht näher differenzierte Isolate der Gattung *Acinetobacter* und der Gattung *Citrobacter* näher untersucht. Alle 14 ausgewählten Keime sind in der Abbildung 34 dargestellt.

Bei den Staphylokokken wurde keine einzige Spezies bei Gänsen isoliert. Abgesehen von *Staphylococcus lentus*, wo ein Nachweis beim Perlhühnerbestand erfolgt ist, wurden entsprechende Kolonien nur bei Hühnern und Enten nachgewiesen. Ein undifferenzierter *Staphylococcus*-Stamm sowie *Staph. lugdunensis* und *Staph. saprophyticus* wurden jeweils bei einem Entenbestand isoliert, wohingegen *Staph. vitulinus*, *Staph. succinus* und *Staph. epidermidis* jeweils einmalig bei Hühnern isoliert wurden. Am häufigsten, mit 16 Nachweisen wurde *Staph. xylosus* identifiziert.

Obwohl von *Cronobacter sakazakii* und von der Gattung *Acinetobacter* kein Einzelnachweis bei einem reinen Gänsebestand erfolgt ist, wurde doch eine Isolierung dieser beiden Keime in einem der beiden Gemischtbeständen bestehend aus Enten und Gänsen realisiert.

Es erfolgte eine Anzucht von *Aerococcus viridans* in einem dieser beiden Wassergeflügelmischbestände, wobei mit Bezug auf die in Abbildung 34 aufgelisteten 14 Bakterien, nur bei den Aerokokken ein Einzelnachweis in einem reinen Gänsebestand gelang. *Citrobacter*-Spezies wurden somit unter den Wasservögeln nur bei reinen Entenbeständen nachgewiesen. Außerdem erfolgte eine Isolierung beim Perlhühnerbestand. *Acinetobacter* sp. hingegen wurde beim Pfauenbestand festgestellt.

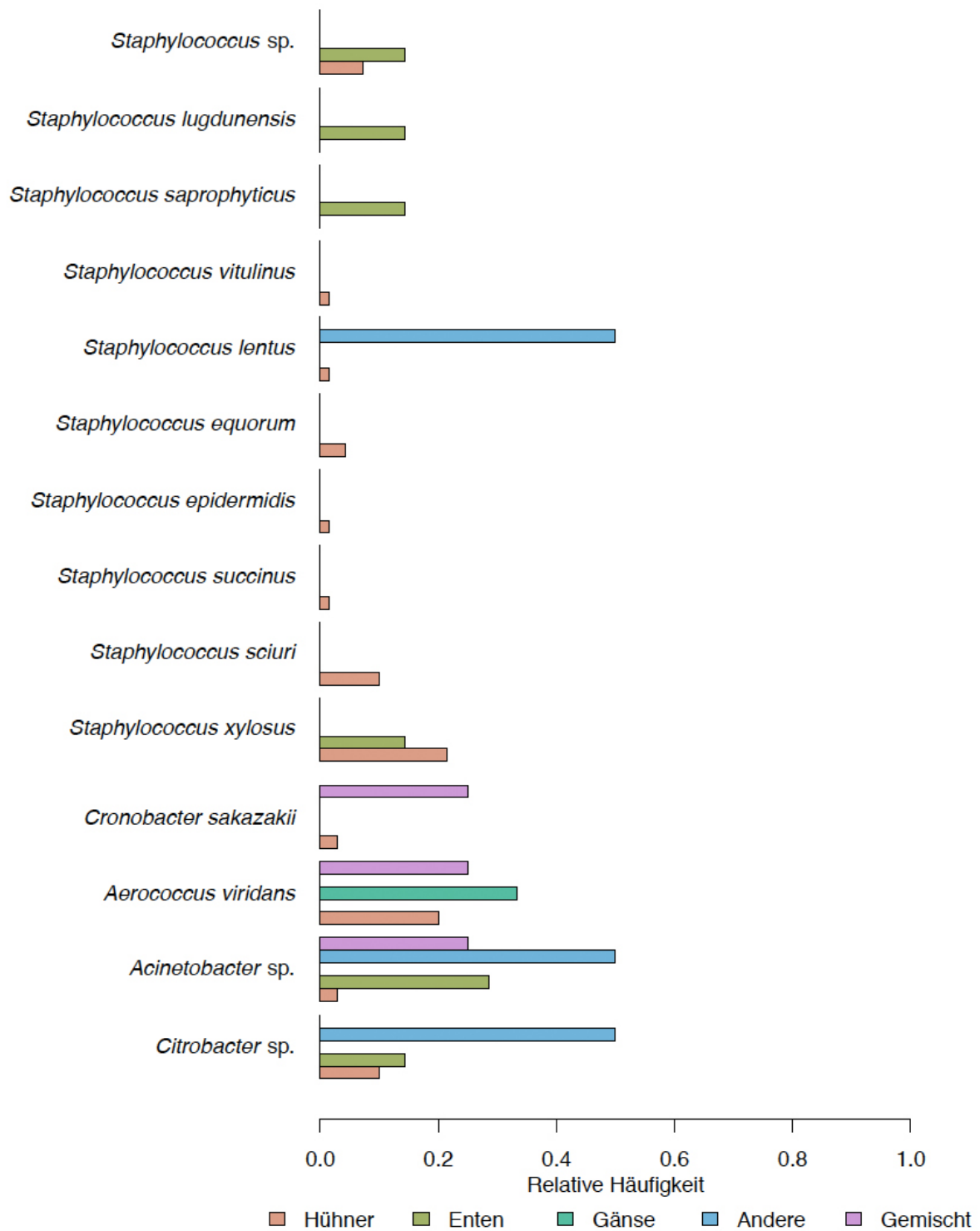


Abbildung 34: Relative Häufigkeiten einiger potentiell humanpathogener Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen)

4.3.4.2 Relative Häufigkeiten einiger potentiell humanpathogener Bakterien aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

5 der insgesamt 9 ausdifferenzierten Staphylokokken-Spezies wurden nur bei Geflügel der nicht-kommerziellen Züchter nachgewiesen, wohingegen 3 dieser 9 Spezies allein bei den Hobbyhaltungen vorkamen. Für die als *Staph. xylosus* ausdifferenzierte Spezies, die bei beiden Haltungsformen isoliert wurde, wurde bei den Zuchtbeständen eine deutlich höhere relative Häufigkeit (26 %) festgestellt als bei den Hobbybeständen (8,33 %).

Aerococcus viridans wurde mit einer doppelt so hohen relativen Häufigkeit bei den nicht-kommerziellen Zuchtbeständen (24 %) isoliert, im Gegensatz zur Bakteriengattung *Acinetobacter*, bei der eine ungefähr dreifach größere Nachweisquote bei den Hobbyhaltungen (11,11 %) erfolgt ist.

Die beiden zu den Enterobacteriaceae gehörenden Keime, *Citrobacter* sp. und *Cronobacter sakazakii* wurden ebenfalls öfters bei den Zuchtbeständen (12 % respektive 4 %) isoliert, allerdings war der Abstand zu der anderen Haltungsform mit einer relativen Häufigkeit nachgewiesener Isolate von 8,33 % respektive 2,78 % geringer, als bei den anderen aufgelisteten ausdifferenzierten Bakterien (Abbildung 35).

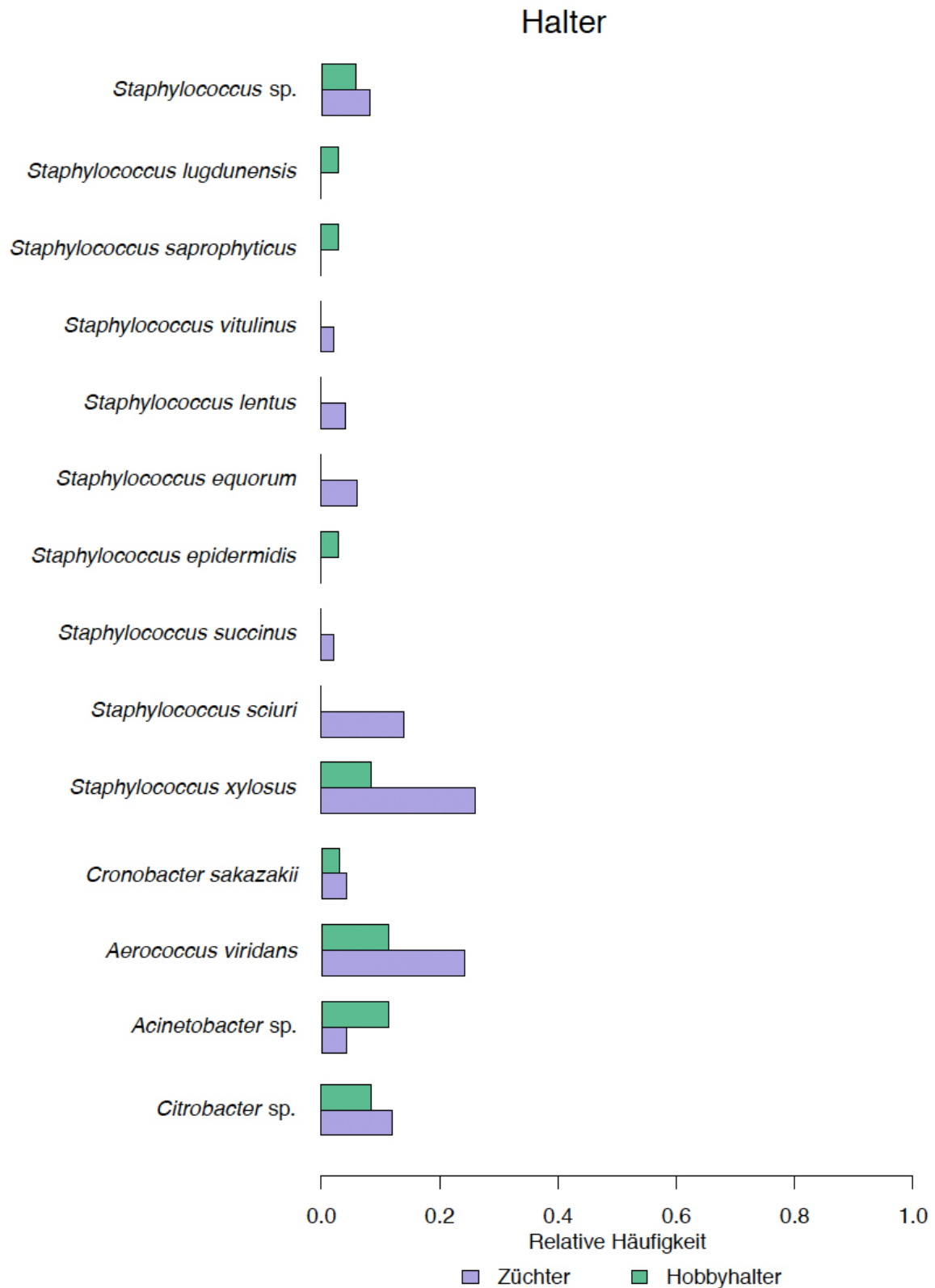


Abbildung 35: Relative Häufigkeiten einiger potentiell humanpathogener Bakterien aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

4.3.5 Einfluss von Kovariablen

Bei den nachfolgenden relativen Häufigkeiten wurde das Bakterium *E. coli* nicht mitbetrachtet angesichts der zu 100 % erfolgten Isolierungen dieses Keimes und der dadurch bedingten fehlenden Aussagekraft der relativen Häufigkeiten.

4.3.5.1 Vorkommen ausgewählter Bakterien bei Beständen mit Einsatz von Arzneimitteln

Die Durchführung einer antibiotischen oder antiparasitischen Behandlung, die Verfütterung von Kokzidiostatika sowie die Impfung gegen Kokzidiose hatten eine Erniedrigung aller relativen Häufigkeiten von *Klebsiella pneumoniae* im Vergleich zur Gesamthäufigkeit zur Folge. Hingegen kam es bei Einsatz von Arzneimitteln bei den nicht näher differenzierten Spezies der Gattung *Enterobacter* durchweg zu einem Anstieg der Nachweise. Bei beiden genannten Keimen hatte der Einsatz von Kokzidiose-Impfstoff die größte Auswirkung. So kam es bei *Klebsiella pneumoniae* zu einer Absenkung um 36,82 % und bei *Enterobacter* sp. zu einer Erhöhung um 39,14 % der relativen Häufigkeit im Vergleich zum Gesamtanteil von 53,49 % respektive 44,19 %.

Die Nachweise von *Enterococcus faecalis* sanken allesamt ab bei Beständen mit im Vorfeld eingesetzten pharmazeutischen Stoffen. Die größte Verringerung der relativen Häufigkeit von 37,21 % auf 0 % fand bei gegen Kokzidiose geimpften Beständen statt. Eine ebenfalls deutliche Absenkung von 20,54 % wurde bei Zusatz von Kokzidiostatikum im Futter beobachtet.

Bei den 2 weiteren angeführten Spezies der Gattung *Enterococcus*, *E. faecium* und *E. casseliflavus*, hatte die Impfung gegen Kokzidiose den größten Einfluss auf die Nachweisrate mit einer Zunahme um 31,4 % sowie einer Abnahme um 46,51 % im Vergleich zum Gesamtanteil (68,60 % respektive 46,51 %) der relativen Häufigkeiten.

Bei Beständen mit vorberichtlich erfolgten antiparasitischen Therapien stieg die relative Häufigkeit von *Lactobacillus salivarius* um 30 % an. Bei enthaltenem Kokzidiostatikum im Futter konnte sogar ein Anstieg der Gesamthäufigkeiten um 33,33 % auf 83,33 % beobachtet werden.

Bei Einsatz von Antiparasitika nahmen die Nachweise der nicht näher differenzierten Spezies der Gattung *Bacillus* um 18,14 % zu.

Bei antibiotisch vorbehandelten Beständen sowie denen mit Gabe von Kokzidiostatikum übers Futter nahmen die relativen Häufigkeiten von *Staphylococcus xylosus* um weniger als 5 % ab. Zu einer Zunahme der Nachweise dieses Keimes kam es bei antiparasitisch vorbehandelten Beständen (21,48 %) sowie bei gegen Kokzidiose geimpften Tierhaltungen (31,4 %) (Abbildung 36).

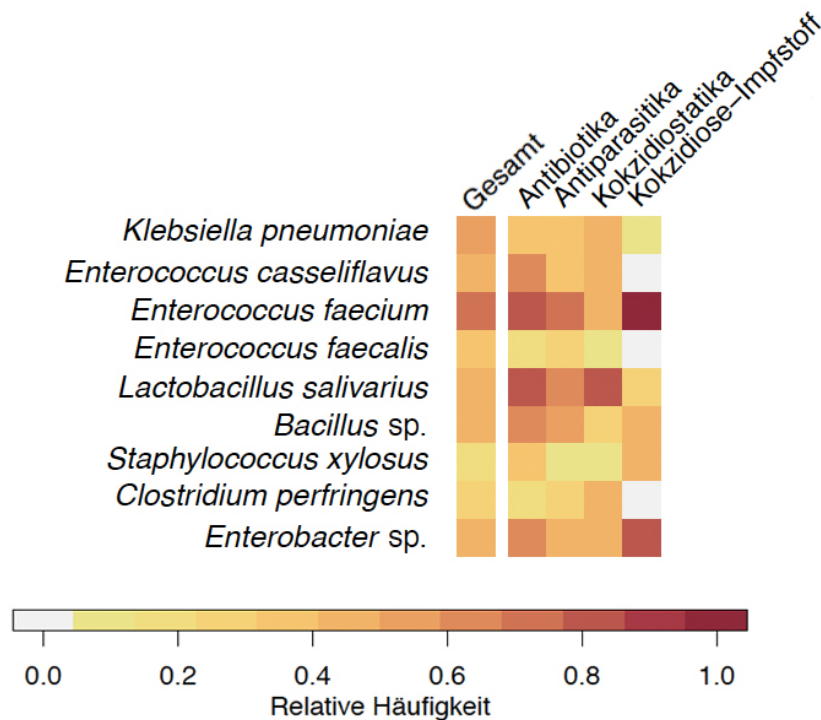


Abbildung 36: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten ausgewählter Bakterien bei Einsatz von Arzneimitteln

4.3.5.2 Vorkommen ausgewählter Bakterien bei Beständen mit vorliegenden Symptomen

Die eher niedrigere Nachweisrate von *Enterococcus durans* mit einer gesamten relativen Häufigkeit von 8,14 % stieg insbesondere bei den 3 Beständen mit Vorliegen von Federpicken (58,53 %) und bei den 4 Beständen mit vorberichtlich niesenden Tieren (16,86 %) an. Bei 4 der 9 aufgelisteten Symptomen kam es zu einem Abfall der Nachweise. Bei dem Bestand mit vorhandenem Augen- und Nasenausfluss stiegen die relativen Häufigkeiten von *E. casseliflavus* und *E. faecium* um beträchtliche 43,49 % respektive 31,40 % an im Vergleich zu den Gesamthäufigkeiten (46,51 % respektive 68,60 %). *E. casseliflavus* kam außerdem bedeutend häufiger (Anstieg um 28,49 %) bei vorhandenen Lahmheiten vor, hingegen die Nachweise von *E. faecium* bei Beständen mit Federverlusten um signifikante 31,40 % zunahmen. Bei *E. faecium* kam es zu einem Abfall der relativen Häufigkeit um 18,60 % bei Beständen mit schlecht beschalten oder unbeschalten Eiern sowie bei Beständen mit vorhandenen niesenden Tieren innerhalb der gehaltenen Tiergruppe. *E. faecalis* wurde bei Vorliegen von respiratorischen Symptomen sowie bei federpickenden Tieren innerhalb der Bestände weniger oft isoliert. Zu einer Zunahme der Nachweise um 32,79 % kam es bei Vorhandensein von auffälligen Eierschalen.

Lactobacillus salivarius wurde bei allen 9 aufgelisteten Symptomen häufiger nachgewiesen, wobei der niedrigste Anstieg der relativen Häufigkeit 12,50 % betrug im Vergleich zum Gesamtprozentsatz von 50 %. Der höchste Anstieg mit einer Verdopplung der Nachweise erfolgte beim Vorhandensein von Augen- und Nasenausfluss sowie Federpicken.

Bei den nicht näher differenzierten Spezies der Gattung *Bacillus* kam es wie in Abbildung 37 dargestellt bei 7 der 9 aufgelisteten Symptomen zu einer Absenkung der relativen Häufigkeiten im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 41,86 %. Ein deutlicher Anstieg um 24,81 % fand bei Beständen mit beobachtetem Federpicken statt.

Bei der ausdifferenzierte Spezies *Bacillus pumilus* wurde hingegen nur bei 2 Symptomen eine Abnahme der Nachweisrate festgestellt, wobei es beim Vorliegen von Auffälligkeiten der Eierschale nur zu einer Absenkung der relativen Häufigkeit um 1,63 % kam im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 11,63 %. Abgesehen vom Bestand mit beschriebenem Augen- und Nasenausfluss kam es bei federpickenden Tieren zum höchsten Anstieg (21,7 %) der relativen Häufigkeit.

Die Nachweisrate von *Proteus mirabilis* nahm nur beim Symptom „Federpicken“ ab (Abfall um 8,53 %), wohingegen *Clostridium perfringens* nur bei beschriebenen lahmenden sowie niesenden Tieren im Bestand weniger häufig isoliert wurde.

Die relativen Häufigkeiten des aus allen Kotproben am zweithäufigsten isolierten Keims - die Gattung *Corynebacterium* - stiegen bei allen aufgelisteten Symptomen an. Bei 5 der 9 Symptome wurde ein Anstieg der relativen Häufigkeiten von 76,74 % auf 100 % festgestellt.

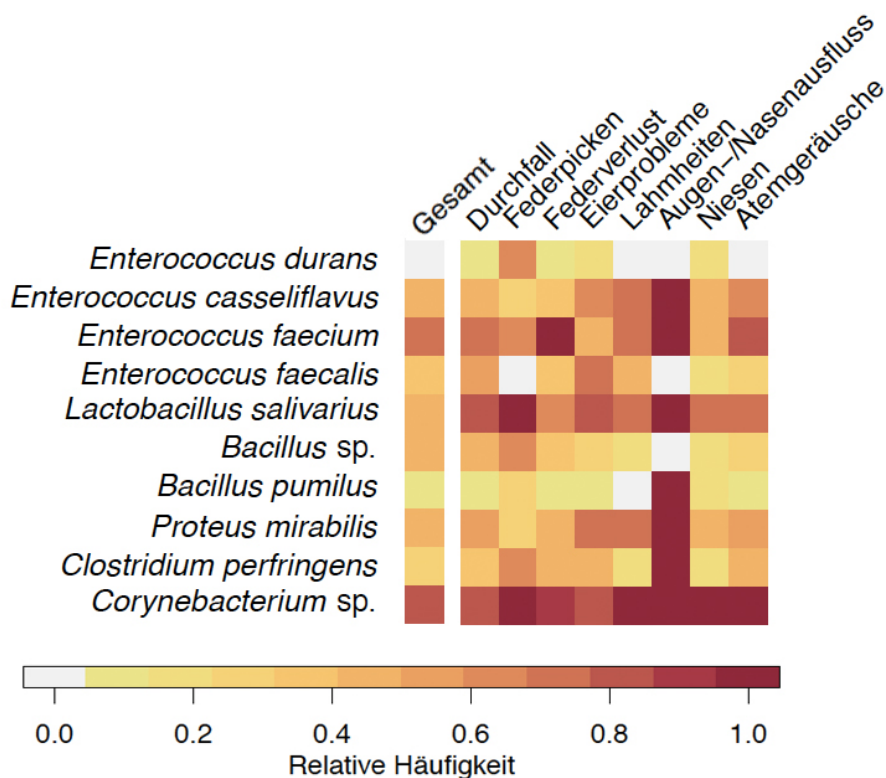


Abbildung 37: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten ausgewählter Bakterien bei Vorliegen von Symptomen

4.3.5.3 Vorkommen ausgewählter Bakterien bei Beständen mit vorliegenden Erkrankungen

Im Vergleich zum Gesamtanteil der relativen Häufigkeit von 53,49 % von *Klebsiella pneumoniae*, nahm diese nur bei 2 der 5 aufgelisteten Erkrankungen ab. Die stärkste Abnahme betrug dabei 7,34 % bei den 13 Beständen mit vorliegenden Parasitosen. Bei den 3 Beständen mit an Aszites erkrankten Tieren stieg die relative Häufigkeit auf 100 % an.

Enterococcus faecalis wurde abgesehen von den Beständen mit von den Geflügelhaltern beobachteten ausgeschiedenen Würmern im Kot (Abnahme um 6,44 %), bei anderweitig erkrankten Beständen stets häufiger nachgewiesen. Der stärkste Anstieg um 29,46 % fand bei Vorliegen von Aszitiden statt. Gegenteilig fand bei dieser Erkrankung die einzige Abnahme der Nachweisrate von *E. faecium* statt. Diese lag allerdings nur bei 1,93 %.

Die Anzuchtraten aus den Kotproben von *E. casseliflavus* nahmen bei Vorliegen der aufgelisteten Erkrankungen allesamt ab. In den 3 Beständen mit an nekrotisierender Enteritis erkrankten Tieren sank die relative Häufigkeit im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 46,51 % auf 0 % ab.

Der größte Anstieg der relativen Häufigkeiten von *Lactobacillus salivarius* betrug 50 % bei Beständen mit beschriebener nekrotisierender Enteritis, wohingegen die größte Abnahme der Nachweise bei den 5 Beständen mit diagnostizierten Viruserkrankungen beobachtet wurde und 39 % betrug.

Bei Vorliegen von Mykoplasmosen sowie Parasitosen sanken die relativen Häufigkeiten von nicht ausdifferenzierten Isolaten der Gattung *Bacillus* um 8,53 % ab. Bei allen übrigen Erkrankungen kam es zu bedeutenden Anstiegen dieser Nachweise.

Unter den nur selten isolierten Keimen sticht die Gattung *Viridibacillus* mit einem Anstieg sämtlicher Nachweise bei Vorliegen einer der aufgelisteten Erkrankungen hervor. Der kleinste Anstieg der relativen Häufigkeit auf einen Wert von 15,38 % betrug 13,05 %, dies bei den 13 Beständen mit beobachtetem Ausscheiden adulter Würmer mit dem Kot.

Ebenso kam es bei *Clostridium perfringens* zu einer Zunahme der Nachweise bei allen 5 ausgewerteten Erkrankungen. Der kleinste Anstieg betrug 1,93 % und fand bei an Aszites erkrankten Beständen statt.

Der kleinste Abfall der relativen Häufigkeit von *Proteus mirabilis* im Vergleich zum Gesamtanteil (41,86 %) betrug 8,33 %, wobei es bei den Viruserkrankungen zu einem Anstieg auf 100 % kam.

Die relativen Häufigkeiten des aus allen Kotproben am zweithäufigsten isoliertem Bakteriums - nicht ausdifferenzierte Spezies Gattung *Corynebacterium* - stiegen bis auf Bestände mit diagnostizierten Mykoplasmosen bei allen übrigen aufgelisteten Erkrankungen an. Bei Vorliegen von Parasitosen betrug der Anstieg nur 0,18 % und ist in Abbildung 38 nicht ersichtlich. Bei 3 der 5 Erkrankungen wurde ein Anstieg der relativen Häufigkeiten von 76,74 % auf 100 % festgestellt.

Enterobacter-Spezies wurden bedeutend häufiger bei den 3 Beständen mit Aszitiden nachgewiesen.

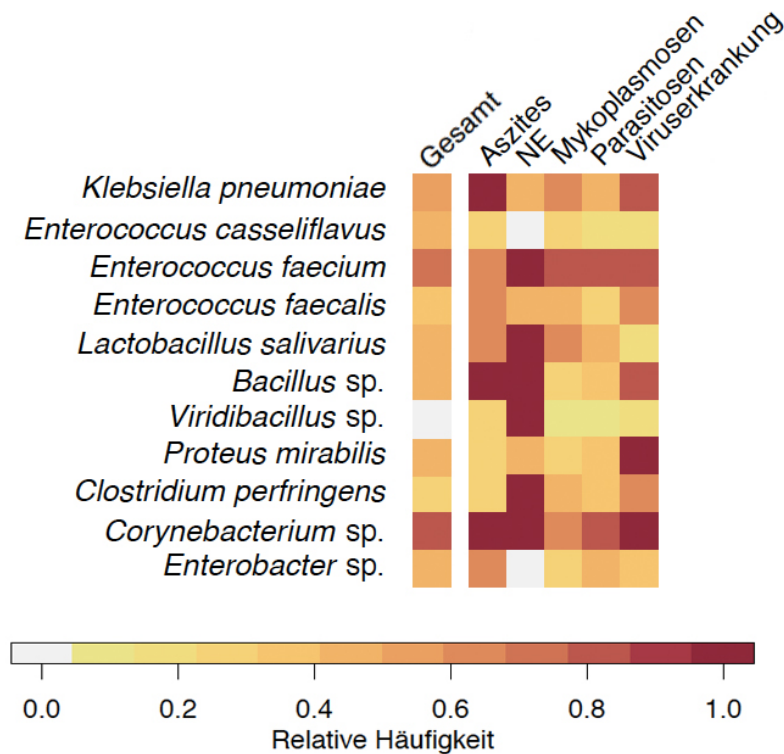


Abbildung 38: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten ausgewählter Bakterien bei Vorliegen von Erkrankungen
(NE: Nekrotisierende Enteritis)

4.3.5.4 Einfluss von Futtermitteln auf ausgewählte Bakterien

Bei Angebot von Körnerfutter sowie Obst und Gemüse kam es bei den in Abbildung 39 aufgelisteten Bakterien zu einer maximalen Erniedrigung oder Erhöhung der relativen Häufigkeiten von 5,04 % im Vergleich zum Gesamtanteil.

Die Pelletfütterung hatte insbesondere für die Bakterienspezies *Klebsiella pneumoniae*, *Lactobacillus salivarius*, *Enterococcus faecium* und *Clostridium perfringens* eine Absenkung der relativen Häufigkeiten um mindestens 20 % im Vergleich zu den jeweiligen Gesamthäufigkeiten zur Folge. Eine Zunahme der Nachweisrate bei den 10 Beständen mit Verfütterung von Pellets fand bei *Enterococcus casseliflavus* mit 13,49 % und insbesondere bei *Enterobacter*-Spezies mit 35,81 % statt.

Bei Zusatz von Legemehl kam es zu Verschiebungen von weniger als 10 %, abgesehen von einer Verringerung der relativen Häufigkeit um 11,76 % im Vergleich zu den Gesamtnachweisen bei der Gattung *Enterobacter*.

Die Verfütterung von Küchenabfällen hatte den größten Einfluss auf die Nachweisrate von *Enterococcus faecalis* mit einer Zunahme der Isolate um 12,79 %.

Bei den 6 Beständen die Oregano als Futterzusatz erhielten, kam es bei 5 der 11 am häufigsten isolierten Bakterien zu Veränderungen der relativen Häufigkeiten um mehr als 10 % im Vergleich zum Gesamtanteil. So nahmen die Nachweise von *Corynebacterium sp.* (10,07 %), *Enterococcus casseliflavus* (13,18 %) und *Klebsiella pneumoniae* (20,16 %) ab und

die Anzahl an nachgewiesenen *Enterococcus faecium* (14,73 %) sowie *Lactobacillus salivarius* (16,67 %) zu. Weiterhin nahm die relative Häufigkeit des Bakteriums *Staphylococcus xylosus* um 18,60 % im Vergleich zur Gesamthäufigkeit ab, wohingegen diese bei *Clostridium bifermentans* um 41,86 % zunahm.

Ebenfalls um Zu- sowie Abnahmen von mehr als 10 % bei 6 der 11 meistdifferenzierten Bakterien, kam es in den 10 Beständen mit Angebot von Bierhefe als Futterzusatz. Die relativen Häufigkeiten verringerten sich im Vergleich zum Gesamtanteil bei *Enterococcus casseliflavus* (16,51 %), *Corynebacterium* sp. (16,74 %) sowie vor allem bei *Klebsiella pneumoniae* (33,49 %). Eine Zunahme der Werte erfolgte bei *Enterococcus faecium* (12,79 %) und *Enterobacter* sp. (25,81 %). Bei dem siebenfach isoliertem Bakterium *Clostridium bifermentans* kam es zu einem Anstieg der relativen Häufigkeit um 21,86 % im Vergleich zum Gesamtprozentsatz von 8,14 %.

Die Verfütterung von Milchprodukten hatte insbesondere auf die Isolierungen von 4 der 12 angeführten Bakterien einen bedeutenden Einfluss. So kam es zu einer Abnahme der Nachweise um 17,11 % bei *Clostridium perfringens* und um 21,43 % bei *Lactobacillus salivarius*. Eine Zunahme der Isolierungen auf eine relative Häufigkeit von 29,57 % fand bei den nicht näher differenzierten Spezies der Gattung *Bacillus* statt sowie bei *Staphylococcus xylosus* (24,26 %).

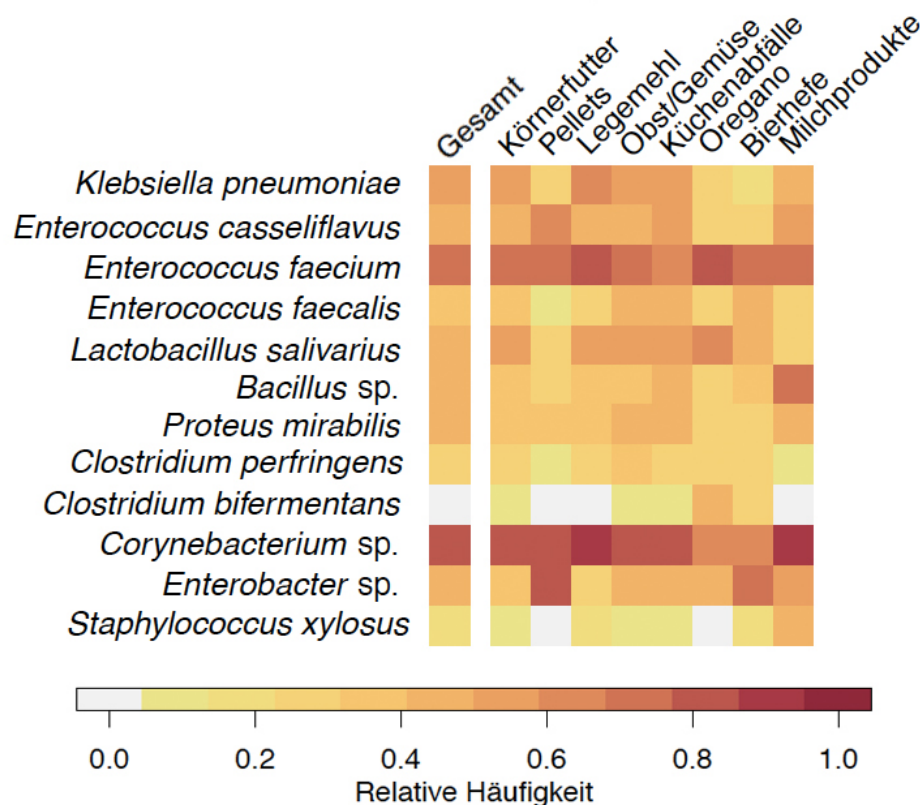


Abbildung 39: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten ausgewählter Bakterien bei Verwendung unterschiedlicher Futtermittel

4.3.5.5 Vorkommen ausgewählter Bakterien bei Beständen mit Zugang zu Gewässer

Bei den in Abbildung 40 dargestellten 9 der 11 häufigsten isolierten Bakterien aus sämtlichen Kotproben, kam es bei 5 dieser 9 Bakterien bei Zugang zu Gewässer zu keinem Anstieg oder Abfall der relativen Häufigkeiten um mehr als 10 % im Vergleich zum Gesamtanteil.

Bei *Enterococcus faecium* und *Lactobacillus salivarius* stiegen die relativen Häufigkeiten im Vergleich zum Gesamtprozentsatz um 22,31 % respektive 13,64 % an, hingegen es bei *Enterococcus casseliflavus* und *Proteus mirabilis* zu einem Abfall der relativen Häufigkeiten um 10,15 % respektive 23,68 % kam.

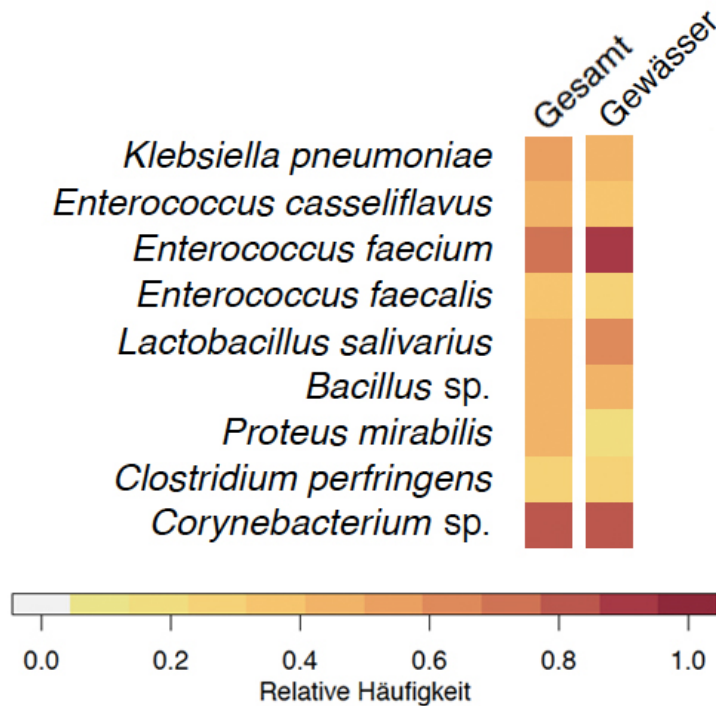


Abbildung 40: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten 9 der 11 meistdiagnostiziertesten Bakterien bei Zugang zu Gewässer

4.3.6 Salmonellen-Anreicherungen

Eine Salmonellen-Anreicherung wurde bei allen 50 Kotproben der nicht-kommerziellen Zuchtbestände und bei 33 der 36 Kotproben der Hobbyhaltungen durchgeführt. Bei 7 dieser 83 Kotproben erfolgte allerdings eine Anreicherung mit einer Kotmenge von 1 g, da ansonsten für die restlichen Untersuchungen keine ausreichende Probenmenge mehr vorhanden gewesen wäre. Bei 3 Kotproben wurde eine Salmonellen-Anreicherung wegen Mangels an Material nicht durchgeführt.

4.3.6.1 MSRV-Agar

Auf dem MSRV-Agar zeigten 50 der insgesamt 83 Anzuchten ein Schwärmverhalten. Das Schwärmverhalten wurde durch milchige Trübung des durchscheinend blauen Agars sichtbar.

4.3.6.2 Selektivnährboden

Es konnten keine Bakterienkolonien mit für Salmonellen typischen Wachstumseigenschaften auf den verwendeten XLD/Brilliance™ Salmonella-Agarplatten nachgewiesen werden. Um keine atypischen Salmonellenstämme, wie die H₂S negativen *Salmonella* Pullorum und *Salmonella* Gallinarum oder die beiden Lactose-positiven Spezies *Salmonella enterica arizonae* und *Salmonella enterica diarizonae* zu verpassen, wurden alle auf den Selektivnährböden angezüchteten Bakterienkolonien mittels MALDI-TOF sequenziert. Auch auf diese Weise konnten keine *Salmonella* spp. nachgewiesen werden.

4.4 Parasitäre und bakterielle Koinfektionen

Bei der Auswertung der relativen Häufigkeiten zum gemeinsamen Auftreten von nachgewiesenen Bakterien mit diagnostizierten Parasitengruppen wurden Endoparasitengruppen betrachtet, die mindestens einmal mit einer Befallsintensität ab 3 + vorkamen, also mit 5-10 Kokzidienoozysten sowie Parasiteneiern je Gesichtsfeld. Dies waren insgesamt 5 Endoparasitengruppen, die da wären *Coccidia*, *Heterakis*, *Ascaridia*, *Capillaria* und *Spirurida*.

4.4.1 Gemeinsames Vorkommen von Enterokokken und Endoparasiten

Die relativen Häufigkeiten der nicht ausdifferenzierten Spezies der Gattung *Enterococcus* sanken bei Nachweisen von *Heterakis*, *Ascaridia* sowie *Spirurida* im Vergleich zur Gesamthäufigkeit über alle Proben um 24,42 % auf 0 % ab. Es kam hingegen zu einem Anstieg um 16,76 % respektive 8,91 % bei gleichzeitig diagnostizierten *Coccidia* respektive *Capillaria*.

Bei der am häufigsten isolierten Enterokokken-Spezies, *Enterococcus faecium*, kam es nur bei gleichzeitigem Vorkommen von *Capillaria* zu einem geringgradigem Abfall um 1,93 % im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 68,60 %. Bei den *Ascaridia* sowie *Spirurida* stiegen die relativen Häufigkeiten von *E. faecium* auf 100 % an, wobei *Spirurida* insgesamt nur mit einer relativen Häufigkeit von 5,88 % nachgewiesen wurden.

E. faecalis wurde weniger häufig gemeinsam mit Kokzidienoozysten nachgewiesen. Bei Vorliegen der anderen 4 Endoparasitengruppen stiegen die relativen Häufigkeiten an im Vergleich zum Gesamtwert, der 37,21 % betrug. Bei *Heterakis* und *Ascaridia* erfolgte ein Anstieg um 12,79 %, wohingegen bei *Capillaria* und *Spirurida* ein Anstieg der relativen Häufigkeit auf 100 % konstatiert wurde.

Ein Abfall der Nachweisrate von *E. casseliflavus* erfolgte bei Vorliegen von *Capillaria*- sowie *Spirurida*-Infektionen. Zu einem deutlichen Anstieg der Nachweisrate von 46,51 % auf 66,67 % kam es beim gemeinsamen Vorkommen mit Heterakideneiern im Kot.

Bei gemeinsamen Vorkommen von *E. hirae* und *Ascaridia* kam es zu einem beträchtlichen Anstieg der relativen Häufigkeit um 38,37 % im Vergleich zum Gesamtprozentsatz, der 11,63 % betrug.

E. cecorum wurde häufiger bei Auftreten von *Capillaria* im Kot nachgewiesen (Anstieg um 22,86 %), wohingegen *E. aquimarinus* häufiger bei *Coccidia* auftrat (Anstieg um 11,9 %). Bei allen anderen aufgelisteten Endoparasitengruppen kam es bei diesen beiden Enterokokken-Spezies zu einem Abfall der relativen Häufigkeit auf 0 % im Vergleich zu deren Gesamthäufigkeiten von 10,47 % respektive 11,63 %.

Bei den Spezies *E. gallinarum* und *E. columbae* sanken die Gesamthäufigkeiten von 3,49 % respektive 4,65 % auf eine relative Häufigkeit von 0 % ab. Anders als in der Abbildung 41 ersichtlich, sanken die Nachweise von *E. mundtii* bei Vorliegen von Kokzidiosen um 1,1 % auf 5,88 % ab, wohingegen bei den übrigen Endoparasitengruppen ein Abfall auf 0 % stattfand.

Die Nachweise von *Enterococcus durans* stiegen um 3,62 % im Vergleich zum Gesamtanteil von 8,14 % bei Vorkommen von Kokzidienoozysten sowie um 8,53 % bei *Heterakis*.

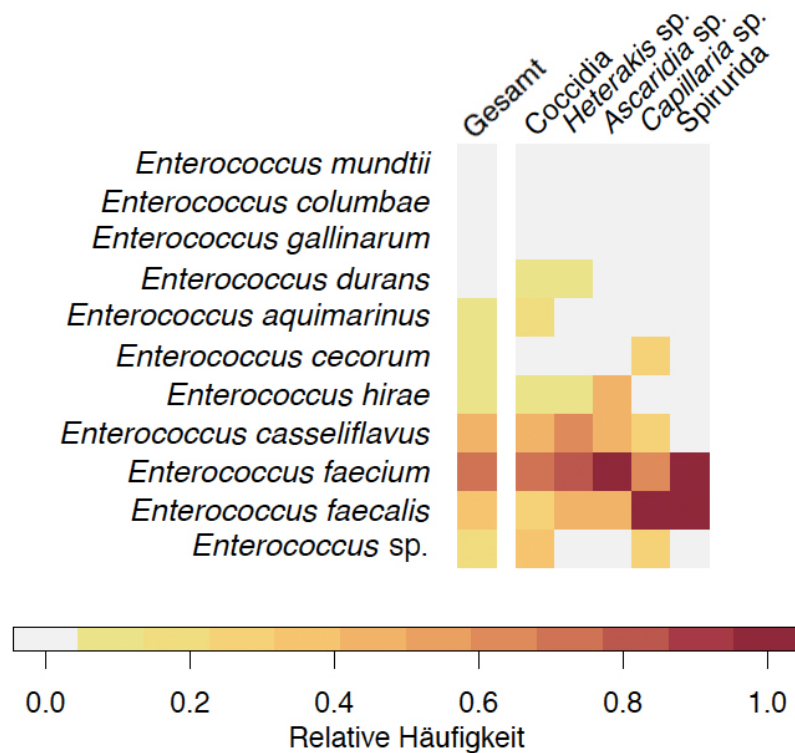


Abbildung 41: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen der diagnostizierten Enterokokken mit 5 Endoparasitengruppen

4.4.2 Gemeinsames Vorkommen von Staphylo- und Mikrokokken mit Endoparasiten

Die Gesamthäufigkeiten der Staphylokokken über alle Proben betrugen bis auf *Staphylococcus xylosus* allesamt weniger als 10 %. Bei *Staph. xylosus* sank die relative Häufigkeit im Vergleich zum Gesamtprozentsatz bei *Coccidia* um 6,84 %, bei *Heterakis* um 1,93 % und bei allen anderen Endoparasitengruppen um 18,60 % auf 0 % ab.

Die nicht ausdifferenzierten Spezies der Gattung *Staphylococcus* sowie die Spezies *Staph. sciuri* wurden bei gemeinsamen Nachweisen mit Kokzidienoozysten geringgradig häufiger isoliert (Anstieg von 6,98 % respektive 8,14 % auf 11,76 %).

Die Nachweise von *Staph. epidermidis* stiegen hingegen bei *Heterakis* vom Gesamtanteil, der 1,16 % betrug auf eine relative Häufigkeit von 16,67 % an.

Beim gemeinsamen Vorkommen mit *Coccidia*, *Ascaridia* und Spirurida stiegen sowohl die Nachweise von *Staphylococcus lentus* als auch die der nicht näher differenzierten Spezies der Gattung *Micrococcus* an. So stiegen die relativen Häufigkeiten von *Staph. lentus* im Vergleich zum Gesamtanteil von 2,33 % um 9,43 % bei *Coccidia*, um 47,67 % bei *Heterakis* und um 97,67 % bei Spirurida an. Bei der Gattung *Micrococcus* kam es bei den gleichen Endoparasitengruppen zu Erhöhungen der relativen Häufigkeiten um 14,16 %, 46,51 % sowie 96,51 % im Vergleich zur Gesamthäufigkeit, die 3,49 % betrug (Abbildung 42).

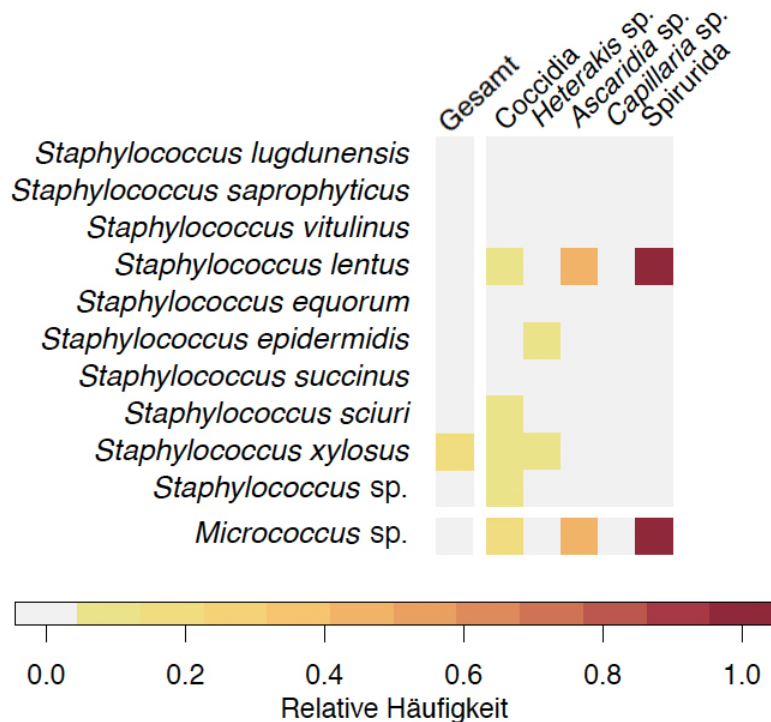


Abbildung 42: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen der diagnostizierten Staphylokokken und Mikrokokken mit 5 Endoparasitengruppen

4.4.3 Gemeinsames Vorkommen von Clostridien und den Gattungen *Streptococcus* und *Corynebacterium* mit Endoparasiten

Die nicht ausdifferenzierten Spezies der Gattung *Streptococcus* wurden insgesamt mit einer relativen Häufigkeit von 16,28 % nachgewiesen. Dabei kam es bei Vorliegen von *Capillaria* zu einer Zunahme der Nachweisrate um 17,05 %, hingegen die Isolierungen bei Vorliegen von Kokzidienoozysten um 10,4 % abnahmen sowie bei *Ascaridia* und *Spirurida* auf eine relative Häufigkeit von 0 % absanken.

Bis auf *Clostridium tertium* kamen alle ausdifferenzierten Spezies der Gattung *Clostridium* häufiger mit *Capillaria* vor. So stieg bei Vorliegen dieser Endoparasitengruppe die relative Häufigkeit von *Clostridium bifermentans* um beträchtliche 25,19 % an im Vergleich zum Gesamtanteil von 8,14 %. Zu weiteren Anstiegen der Nachweisrate von *C. bifermentans* kam es bei *Coccidia* (3,62 %) sowie *Heterakis* (8,53 %).

Anders als in Abbildung 43 ersichtlich, stieg die relative Häufigkeit von *C. tertium* um 0,07 % bei gemeinsamen Vorkommen mit Kokzidienoozysten. Bei den übrigen Endoparasitengruppen kam es zu einem Abfall der relativen Häufigkeit auf 0 % im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 5,81 %.

Die einzige Zunahme der Nachweise von *C. baratii* erfolgte bei *Capillaria*, dies um signifikante 29,84 % im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 3,49 %.

Der größte Anstieg der Isolierungen von *C. perfringens* wurde ebenfalls bei den Haarwürmern beobachtet. So stieg die relative Häufigkeit um 35,27 % an im Vergleich zum Gesamtprozentsatz, der 31,40 % betrug. Beim gemeinsamen Vorkommen mit *Heterakis* sowie *Ascaridia* kam es noch zu einem Anstieg der Nachweise um 18,60 %. Ein

geringgradiger Abfall von 1,99 % wurde bei den Kokzidien konstatiert, wohingegen es bei Spirurida zu einer Abnahme der relativen Häufigkeit auf 0 % kam.

Die relativen Häufigkeiten der nicht ausdifferenzierten Spezies der Gattung *Corynebacterium* stiegen bei Vorliegen von *Ascaridia*- sowie Spirurida-Infektionen im Vergleich zum Gesamtanteil von 76,74 % auf 100 % an. Hingegen kam es zu einer deutlichen Abnahme von 43,41 % beim gemeinsamen Vorkommen mit *Capillaria*.

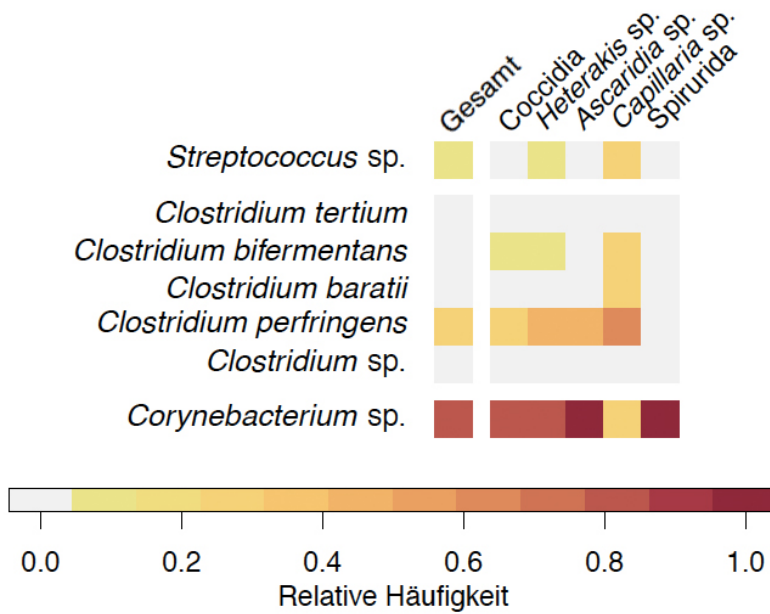


Abbildung 43: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen der diagnostizierten Clostridien und der nicht näher differenzierten Spezies der Gattungen *Streptococcus* und *Corynebacterium* mit 5 Endoparasitengruppen

4.4.4 Gemeinsames Vorkommen von Bazillen und Laktobazillen mit Endoparasiten

Bei den 36 nicht näher differenzierten Isolaten der Gattung *Bacillus* kam es zu geringgradigen Zunahmen der Nachweise um 5,2 % beim gemeinsamen Auftreten mit Kokzidien sowie um 8,14 % bei *Ascaridia* im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 41,86 %, wohingegen die relativen Häufigkeiten bei *Capillaria* sowie Spirurida auf 0 % absanken.

Die relative Häufigkeit von *Bacillus pumilus* stieg nur beim Auftreten von Kokzidienoozysten an, dies von 11,63 % auf 23,53 %.

Alle anderen ausdifferenzierten Spezies der Gattung *Bacillus* wurden mit einem Gesamtprozentsatz von weniger als 5 % nachgewiesen. Die relativen Häufigkeiten dieser Spezies sanken bei allen 5 Endoparasitengruppen auf 0 % ab.

Bei den nicht ausdifferenzierten Laktobazillen-Spezies kam es bei Vorliegen von *Heterakis* zu einer signifikanten Zunahme der relativen Häufigkeit von 42,25 % im Vergleich zum Gesamtanteil von 24,42 %. Eine ebenfalls erhöhte Nachweisrate trat beim gemeinsamen Vorkommen mit *Capillaria* auf. Zu einer sehr geringen Abnahme der relativen Häufigkeit um 0,89 % im Vergleich zum Gesamtanteil, kam es bei *Coccidia*. Diese Abnahme ist in Abbildung

44 nicht sichtbar, im Gegensatz zum Abfall der relativen Häufigkeiten auf 0 % bei *Ascaridia* sowie Spirurida.

Nur beim gemeinsamen Vorkommen von *Lactobacillus salivarius* und Kokzidienoozysten kam es zu einer Abnahme der relativen Häufigkeit, dies um 2,94 % im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 50 %. Eine Zunahme erfolgte bei *Heterakis* (33,33 %) sowie insbesondere bei *Ascaridia* und Spirurida (50 %).

Lactobacillus agilis wurde nur beim Auftreten mit *Capillaria* weniger oft angezüchtet, ansonsten kam es zu Zunahmen der relativen Häufigkeiten um 9,3 % im Vergleich zum Gesamtanteil (9,3 %). So erfolgte ein Anstieg der Nachweisrate um 40,7 % bei *Ascaridia* und um 90,7 % bei Spirurida.

Die beiden Spezies *Lactobacillus kitasatonis* sowie *L. crispatus* sind nicht eindeutig von nahverwandten Spezies abzugrenzen und wurden in Abbildung 44 der Einfachheit halber unter diesen Speziesnamen zusammengefasst. Sie wurden insgesamt nur mit einer relativen Häufigkeit von 1,16 % nachgewiesen, die bei allen 5 Endoparasitengruppen auf 0 % absanken.

Bei diagnostizierten Kokzidienoozysten im Kot stieg die relative Häufigkeit von *L. ingluviei* um 3,55 % an im Vergleich zur Gesamthäufigkeit, die 2,33 % betrug.

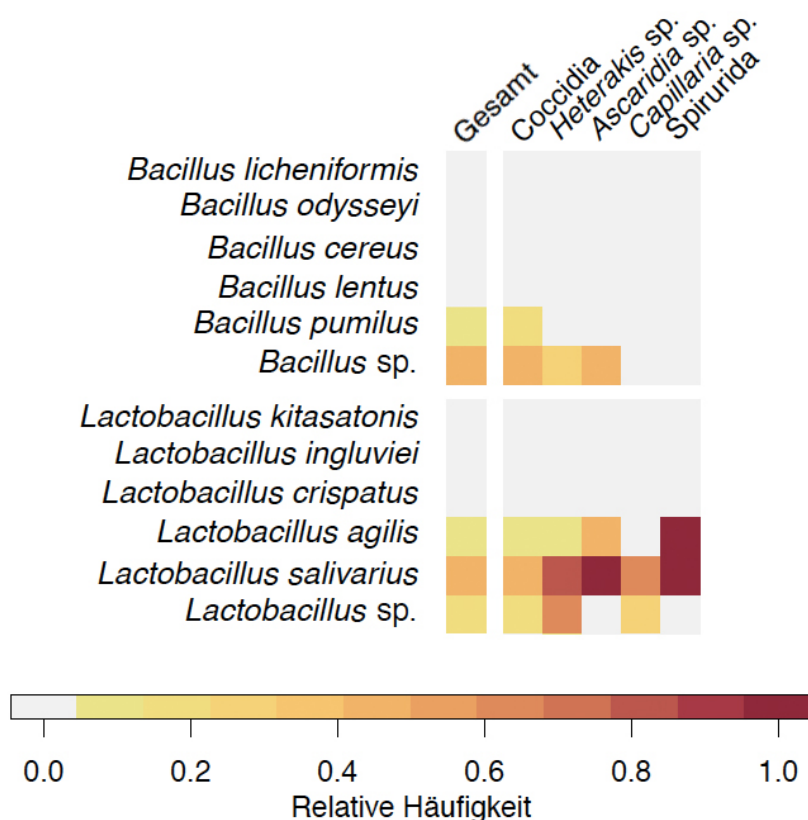


Abbildung 44: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen der diagnostizierten Bazillen und Laktobazillen mit 5 Endoparasitengruppen

4.4.5 Gemeinsames Vorkommen einiger Enterobacteriaceae mit Endoparasiten

Die meisten nicht ausdifferenzierten Spezies der Gattung *Enterobacter* gehörten dem *Enterobacter cloacae*-Komplex an. Die relativen Häufigkeiten dieser Isolate stiegen um 55,18 % auf 100 % an bei gemeinsamen Vorkommen mit *Ascaridia* und Spirurida. Eine

Abnahme um 10,86 % im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 44,19 % fand bei *Heterakis* und *Capillaria* statt. Eine in der Abbildung 45 nicht sichtbare Abnahme um 3,01 % fand bei gemeinsamen Nachweisen von Kokzidienoozysten statt.

Enterobacter cloacae wurde mit einer Gesamthäufigkeit von 12,79 % isoliert. Eine deutliche Zunahme dieser relativen Häufigkeit um 20,54 % erfolgte bei *Capillaria*, wohingegen bei *Ascaridia* und Spirurida die relative Häufigkeit auf 0 % absank.

Die relativen Häufigkeiten von *Enterobacter aerogenes* sanken bei allen 5 Endoparasitengruppen auf 0 % ab im Vergleich zum Gesamtanteil, der nur 1,16 % betrug.

Die Nachweisrate von *Klebsiella pneumoniae* nahm im Vergleich zur Gesamthäufigkeit von 53,49 % beim gemeinsamen Vorkommen mit *Heterakis*, *Ascaridia* sowie *Capillaria* um 36,82 %, 3,49 % respektive 20,16 % ab. Zu einer Zunahme der Isolierungen kam es hingegen bei *Coccidia* (11,22 %) sowie Spirurida (46,51 %).

Die nicht näher differenzierten Spezies der Gattung *Proteus* wurden mit einer Gesamthäufigkeit von 6,98 % nachgewiesen. Beim gemeinsamen Vorliegen von *Coccidia* sowie *Heterakis* kam es zu einem Anstieg der relativen Häufigkeit um 10,67 % respektive 9,69 %. Bei den 3 übrigen Endoparasitengruppen sanken die Werte auf 0 % ab.

Nicht in Abbildung 45 sichtbar ist die Zunahme der Nachweise von *Proteus vulgaris* von 1,16 % auf 5,88 % bei *Coccidia*.

Bei *Proteus mirabilis* kam es zu signifikanten Anstiegen der Nachweise von 41,86 % auf 83,33 % bei *Heterakis* sowie auf 66,67 % bei *Capillaria*, wohingegen es bei Spirurida zu einem Abfall auf 0 % kam.

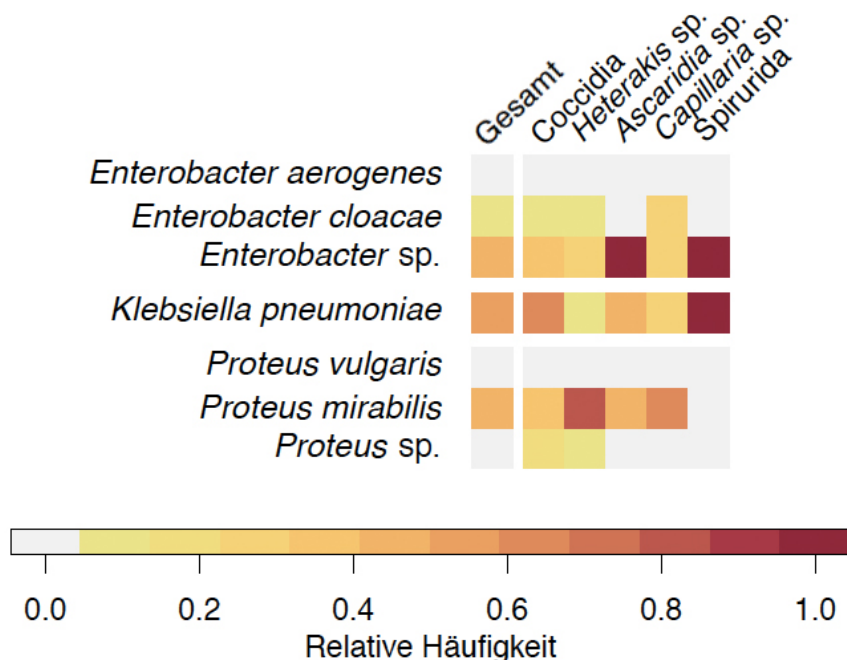


Abbildung 45: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen einiger Enterobacteriaceae mit 5 Endoparasitengruppen

V. DISKUSSION

In der vorliegenden Studie sollte das Vorkommen von parasitären und bakteriellen Infektionserregern in Hobbyhaltungen und nicht-kommerziellen Zuchthaltungen beim Zier- und Rassegeflügel erfasst werden. Ebenso sollten mögliche Koinfektionen ermittelt werden und gegebenenfalls Rückschlüsse auf ein mögliches Infektionsrisiko für benachbarte kommerzielle Geflügelbestände gewonnen werden.

Die Studienteilnehmer wurden nicht nach dem Zufallsprinzip ausgewählt, sondern nach ihrem Wohnort, der sich in Bayern befinden sollte. Da die Population an gehaltenem Hobbygeflügel in Bayern nicht eindeutig bestimmbar ist und eine vollständige Testung aller nicht-kommerziellen Tierbestände nicht realisierbar ist, können die vorliegenden Ergebnisse der bakteriellen und parasitären Infektionserreger als stichprobenhafte Schätzung der entsprechenden Prävalenzen im Raum Bayern angesehen werden.

Grundsätzlich lässt sich der Kot gut zwischen den einzelnen Geflügeltierarten, insbesondere zwischen den *Galliformes* und den *Anseriformes* unterscheiden. Artspezifische Besonderheiten, wie die Futteraufnahme, die Rasse, aber auch die Haltungsart beeinflussen das Kotbild. Der Kot von Wassergeflügel hat grundsätzlich einen größeren Wasser- und Faseranteil angesichts der artspezifischen Futteraufnahme. So kann man mögliche Verwechslungen zwischen den Ausscheidungen von Hühnervögeln und dem Wassergeflügel durch die teilnehmenden Geflügelhalter beim Einsammeln der Exkremente auf gemeinsamen Stall- und Weideflächen als unwahrscheinlich einstufen. Zudem sollten die Teilnehmer den Kot nach Möglichkeit nur nach beobachtetem Kotabsatz einsammeln. Allerdings ließen sich geringe Beimengungen von Erdboden oder Einstreu mit gegebenenfalls darin enthaltenen Infektionserregern nicht gänzlich vermeiden, da der Kot bei dieser Studie nicht aus der Kloake entnommen wurde.

Ein ausreichendes Platzangebot ermöglicht den Tieren ihre arttypischen Verhaltensmuster auszuleben. Hühner verbringen einen Großteil ihres Tages mit der Nahrungssuche, die gekennzeichnet ist durch Scharren und Picken. Dies dient dem Wohlbefinden der Tiere und wirkt sich somit positiv auf deren Immunsystem aus. Außerdem spielt der Infektionsdruck eine große Rolle, der abhängig von der zur Verfügung stehenden Fläche ist. Ständiger Kontakt zu den Exkrementen erhöht das Risiko einer anhaltenden Reinfektion. Weideflächen bedeuten aber auch Kontakt zu möglichen Stapelwirten mit den darin enthaltenen infektiösen Parasitenstadien. Eine gewisse Parasitenbürde ist in Freilandhaltungen also trotz eines entsprechenden Hygienemanagements, wie zum Beispiel das Entfernen der Exkremente oder durch einen regelmäßigen Weidewechsel mit anschließender zumindest partiellen Brantkalkung der Ausläufe, nicht vollständig vermeidbar. Allerdings kann auch in reinen Stallhaltungen ein Eintrag von Parasiten durch Futter, Einstreu, Personenverkehr, Schädlinge sowie Insekten, und aufgrund der hohen Tenazität vieler Parasiten in der Umwelt, ihre Persistenz und infolgedessen eine Infektion mit Endoparasiten nie gänzlich ausgeschlossen werden.

Da in dieser Studie überwiegend Hühnerbestände teilgenommen haben, sollte das mediane Platzangebot, das den Studientieren zur Verfügung stand, in Bezug auf die gesetzlichen Bestimmungen zur Legehennenhaltung evaluiert werden. Die verfügbaren medianen Stall-

und Weideflächen in Quadratmeter pro Tier waren sowohl bei den Hobby- als auch bei den nicht-kommerziellen Zuchthaltungen größer als die gesetzlichen Vorgaben. Bei der klassischen Bodenhaltung von Legehennen sind maximal 9 Tiere pro Quadratmeter Stallfläche zulässig (Tierschutz-Nutztierhaltungsverordnung – TierSchNutztV). Für den Ökolandbau in Europa sind rechtlich maximal 6 Tiere pro Quadratmeter Stallfläche sowie je Tier mindestens 4 Quadratmeter Auslauffläche vorgeschrieben (VO (EG) Nr. 834/2007 – EG-Öko-Basisverordnung; VO (EG) Nr. 889/2008). Aus den zur Verfügung stehenden Angaben von 53 der 86 teilnehmenden Bestände ergab sich, dass bei dieser Studie ein Tier mindestens 0,48 qm Stallfläche sowie mindestens 9,29 qm Weidefläche zur Verfügung hatte. Das Ausleben arttypischer Verhaltensmuster war den Studientieren möglich und der vom Platzangebot abhängige Infektionsdruck somit als eher gering einzustufen.

5.1 Parasiten

5.1.1 Prävalenzen

In dieser Studie erfolgte bei einigen Endoparasiten keine Differenzierung bis auf die Ebene der Gattung oder Art. Auch wenn beispielsweise die unterschiedlichen Zestodengattungen bei den Hühnern grundsätzlich anhand ihrer Größe und Morphologie unterschieden werden können, wurde auf eine diesbezügliche Unterscheidung aufgrund der geringen Anzahl nachgewiesener Zestoden verzichtet (ENIGK und STICINSKY, 1958; BAUER, 2006). Die Kotproben wurden nur anhand des Vorhandenseins oder der Abwesenheit von Zestoden unterteilt. Außerdem werden bei vielen Bandwurmart die Eier nur innerhalb der Proglottiden ausgeschieden, so dass sich der Nachweis von Zestodeneiern als schwierig gestaltet. Nach Homogenisieren des Sammelkotes erfolgte daher eine makroskopische Betrachtung mit besonderem Augenmerk auf ein mögliches Vorhandensein von Proglottiden. Die Anwendung von Aufschwemmmethoden erfolgte nicht, so dass die Sensitivität der hier verwendeten Untersuchungsmethoden für Bandwürmer daher sicherlich als niedrig einzuschätzen ist. Andere Autoren detektierten mit ähnlichen Untersuchungsmethoden gar keine Zestoden (MOERKE-SCHINDLER et al., 2017) oder nur mit einer sehr geringen Prävalenz (0,2 %) (GLOBOKAR et al., 2017). Bei Durchführung von Sektionen mit anschließender parasitologischer Untersuchung der Tiere werden im Allgemeinen im Vergleich zur Kotuntersuchung deutlich höhere Prävalenzen von Zestoden nachgewiesen (SSENYONGA, 1982; PUTTALAKSHMAMMA et al., 2008; KAUFMANN et al., 2011; TANVEER et al., 2015), so dass man davon ausgehen kann, dass in der vorliegenden Studie die Befallsintensität mit Bandwürmern sicherlich unterschätzt wird.

Im Versuchszeitraum von Ende Juli bis Anfang September wurde eine recht hohe Prävalenz an Endoparasiten festgestellt. So wurden die drei am häufigsten nachgewiesenen Parasiten, nämlich Kokzidienoozysten mit einer relativen Häufigkeit von 72,94 % diagnostiziert, gefolgt von *Capillaria* mit 58,82 % und den Heterakiden mit 38,82 %. Diese Ergebnisse sind gegenteilig zu denen von MOERKE-SCHINDLER et al. (2017), die im Spätsommer 11 Bestände untersuchten und vor allem Haarwürmer (36 %) und Blinddarmwürmer (18 %) nachweisen konnten, wohingegen Protozoen (9 %) nur in einem sehr geringen Anteil gefunden wurden. Allerdings haben diese Autoren im Frühjahr desselben Jahres deutlich höhere Prävalenzen dieser Endoparasiten nachweisen können, so dass *Capillaria* bei 50 % der in diesem Zeitraum 12 untersuchten Bestände, *Heterakis* bei 33 % und Kokzidien bei 17 % nachgewiesen wurden. Im Frühjahr wurden außerdem *Ascaridia* mit 17 % diagnostiziert, hingegen im Spätsommer kein solcher Nachweis mehr gelang. Zestoden waren in beiden Untersuchungsperioden bei keinem Bestand nachweisbar. KAUFMANN et al. (2011)

hingegen konnten bei durchgeführten Sektionen mit anschließender Bestimmung der Infektionslast im Sommer eine überwiegend höhere Anzahl an Nematoden feststellen als im Winter. Da bei dieser Studie nur im Spätsommer Untersuchungen durchgeführt wurden, lässt sich keine Aussage über das saisonale Auftreten nachgewiesener Endoparasiten treffen. Allerdings fällt die bedeutend höhere Anzahl nachgewiesener Kokzidienoozysten im Vergleich zu beiden Untersuchungszeiträumen von MOERKE-SCHINDLER et al. (2017) auf.

In der vorliegenden Studie erfolgten keine Nachweise von *Syngamus trachea*, im Gegensatz zu den Studien von MOERKE-SCHINDLER et al. (2017) oder GLOBOKAR et al. (2017). Die Ursache hierfür ist unbekannt.

In der vorliegenden Arbeit wurden bedeutend häufiger Mischinfektionen (56,97 %) mit mehr als einer Parasitengruppe nachgewiesen als Monoinfektionen. Doppelinfektionen kamen dabei genauso oft vor wie Kotproben mit 3 verschiedenen Endoparasitengruppen. Damit war der Anteil an Beständen mit Vorkommen von multiplen Parasiten höher als in einer Studie von MOERKE-SCHINDLER et al. (2017), in der im Frühjahr und im Sommer nur bei 2 der 12 respektive 11 untersuchten Bestände mehr als 2 verschiedene Endoparasitengruppen festgestellt wurden. Im Untersuchungszeitraum von 2006-2008 fand REICHEL (2010) keine einzige Kotprobe mit mehr als 2 verschiedenen Parasitengruppen. In der zuvor analysierten Untersuchungsperiode von 1999-2000 konnten hingegen Infektionen mit mehr als 3 verschiedenen Endoparasitengruppen diagnostiziert werden (REICHEL, 2010).

Insgesamt wurden in der vorliegenden Studie bei den Hühnern mit 76,81 % am häufigsten Kokzidienoozysten nachgewiesen, gefolgt von *Capillaria* spp. mit 65,22 % und *Heterakis gallinarum* mit 44,93 %. REICHEL (2010) fand in Sammelkotproben bei in Hessen gehaltenen Hühnern bei den meisten Rassen ebenfalls am häufigsten Kokzidienoozysten. Bei den Kleinrassen, also bei Tieren, die ein Körperendgewicht zwischen 1 und 2 Kilogramm erreichen, überwogen Askariden-Infektionen. Diese kamen bei den Zwergassen (Adulttiere < 1 kg KGW) genauso häufig vor wie die Kokzidiosen. In einer retrospektiven Studie von GLOBOKAR et al. (2017) überwog ebenfalls die Anzahl an gefundenen Protozoen (55,1 %), gefolgt von *Capillaria* spp. (38,3 %). Allerdings wurden bei dieser Analyse deutlich mehr Askariden-Infektionen (31,2 %) als Infektionen mit *Heterakis gallinarum* (7 %) diagnostiziert. Aufgrund der retrospektiven Natur dieser Studie fehlten aber jegliche zusätzlichen Informationen, beispielsweise über die Haltungsweise der Hühner, deren Gesundheitsstatus oder über eventuelle Vorbehandlungen.

Es gilt zu bedenken, dass die Unterscheidung der Gattungen *Heterakis* und *Ascaridia* nur anhand der Morphologie der Eier nicht immer eindeutig möglich ist (SCHMÄSCHKE, 2015). Allerdings war die relative Häufigkeit an diagnostizierten Heterakiden-Infektionen in der vorliegenden Studie fast doppelt so hoch wie die der Infektionen mit *Ascaridia* spp.. Auch wenn vielleicht in einzelnen Beständen eine Fehldiagnose durch mögliche ineinander übergehende Morphologien einiger Parasiteneier der beiden Gattungen erfolgt ist, so ist die praktische Bedeutung dieser möglichen Fehldiagnosen als gering anzusehen.

Für die Gattung *Amidostomum*, insbesondere für *Amidostomum anseris*, sind Hühner keine natürlichen Wirte. Diese Endoparasiten sind überwiegend als streng wirtsspezifisch für Enten, Gänse und Tauben anzusehen und eine Infektion von Hühnern gelingt nur experimentell (MCDUGALD, 2008). Daher kann man davon ausgehen, dass es sich bei den

in dieser Studie bei Hühnern gefundenen Eiern um Passanten handelt, die über das Picken am Boden versehentlich aufgenommen und wieder ausgeschieden wurden. In dieser Studie gab es bis auf einen Bestand, bei allen mit *Amidostomum anseris* diagnostizierten Hühnerbeständen Kontakte der Hühner zu Wassergeflügel. Ein Eintrag durch die Ausscheidungen von Wildvögeln ist bei Weidehaltung ebenso nicht auszuschließen.

In der vorliegenden Arbeit wurden bei den untersuchten Enten mit 28,57 %, wie schon bei den Hühnern, ebenfalls überwiegend Protozoen diagnostiziert, gefolgt von gleichem Anteil an *Amidostomum anseris* sowie Spirurida mit 14,29 %. Bei den Gänsen wurden neben den Kokzidien mit 66,67 % ausschließlich noch *Capillaria* spp. mit der gleichen Gesamthäufigkeit nachgewiesen. Eine Studie aus dem Irak sowie eine retrospektive Studie aus Deutschland detektierten ebenfalls als häufigste Nematoden *Capillaria* (AL-TAEE et al., 2011; GLOBOKAR et al., 2017), dies allerdings sowohl bei Enten als auch bei Gänsen. In der vorliegenden Studie konnten hingegen nur in den gemischten Beständen, bestehend aus Enten und Gänsen oder Puten und Perlhühnern, sowie in den Gänsebeständen *Capillaria* spp. nachgewiesen werden und nicht in Beständen, wo nur Enten alleine gehalten wurden.

Insgesamt wurden in der vorliegenden Studie nur wenige verschiedene Parasitengruppen beim Wassergeflügel diagnostiziert. Eine mögliche Ursache könnte eine ungleiche Verteilung der Altersgruppen sein. Das Alter aller Studientiere bei dieser Studie war unbekannt. Jüngere Tiere verschiedener Geflügelarten sind nachgewiesen empfänglicher für Infektionen mit Kokzidien und mit einigen Nematodenspezies als ältere (ISLAM et al., 1988; MAGWISHA et al., 2002; A PERMIN et al., 2002). KORNAS et al. (2015) wiesen nur bei jungen Gänsen unter 9 Wochen das Vorliegen einer Infektion mit *Capillaria* spp. nach. YOUSUF et al. (2009) hingegen diagnostizierten die höchste Infektionslast für *Capillaria* spp., allerdings bei Enten, im Alter von 6 Monaten bis zu einem Jahr.

Eine weitere Ursache für die insgesamt eher geringe Infektionslast beim Wassergeflügel in dieser Untersuchung könnte ein geringer Zugang zu Gewässer sein. Nur 3 Entenbestände und keiner der untersuchten Gänsebestände hatten den Angaben auf den Fragebögen zufolge, Zugang zu Gewässer. Dies könnte nach einigen Autoren auch eine Ursache für starke regionale Unterschiede in detektierten Parasitenlasten sein, wie Untersuchungen bei Zugvögeln gezeigt haben (BARUS et al., 1977; CLINCHY und BARKER, 1994; GICIK und ARSLAN, 2003).

5.1.2 Vergleich der Prävalenzen bei Haltungen von Hobbyhaltern und Züchtern

Cyathostoma bronchialis wurde überwiegend bei Gemischtbeständen und Spirurida vor allem bei Gemischt- und Entenbeständen diagnostiziert. Da Gemischtbestände nur bei Züchtern vorkamen und bei diesen Haltern zudem eine größere Anzahl an Entenbeständen teilgenommen hat, könnte dies eine mögliche Erklärung für die ausschließlich bei diesen Haltern positiven Kotproben für beide Endoparasiten sein.

Im Kontrast dazu fällt bei den Hobbyhaltungen die größere Anzahl an gefundenen Parasiten bei den drei am häufigsten diagnostizierten Endoparasiten, nämlich bei den Kokzidien, *Capillaria* sowie *Heterakis* auf. Ein höchstgradiger Kokzidienbefall trat bei den Hobbyhaltungen häufiger auf, wohingegen bei den Züchtern ein mittel- und hochgradiger Kokzidienbefall häufiger vorlag. Grundsätzlich kann man davon ausgehen, dass die Züchter ihre Tiere öfters aufstallen, insbesondere zur Zucht, und dadurch einerseits die

Infektionskette unterbrochen wird, andererseits können die leeren Weideflächen regelmäßiger gekalkt werden. Diese Vermutung wird durch die Angaben auf den Fragebögen gestützt. Von jeweils 2 Hobbyhalterbeständen sowie 2 Zuchtbeständen der insgesamt 86 Bestände fehlen die Angaben über die Haltungsweise. 21 Bestände der Hobbyhalter wurden laut Fragebogen sowohl im Stall- als auch auf der Weide gehalten, wohingegen 39 Zuchtbeständen beide Haltungsweisen zur Verfügung standen. Demnach überwog bei den Hobbyhaltungen die Weidehaltung mit entsprechendem Unterstand für die Tiere.

5.1.3 Einfluss von Kovariablen

5.1.3.1 Vorbehandlungen

In dieser Studie fiel eine erhöhte relative Häufigkeit von Kokzidiosen bei mit Antibiotika oder mit Antiparasitika vorbehandelten Tieren auf. Kokzidien-Infektionen haben weltweit eine große wirtschaftliche Bedeutung, vor allem aufgrund einer reduzierten Gewichtszunahme, einer erhöhten Mortalität sowie einhergehenden Kosten für die Bekämpfung von vorliegenden Infektionen (KINUNG'HI et al., 2004; BER et al., 2010). Angesichts dieser finanziellen Bedeutung nimmt der Einsatz von Kokzidiostatika und eine damit einhergehende Resistenzentwicklung der Kokzidien zu (WILLIAMS, 2006; ABBAS et al., 2011). Auf der Suche nach möglichen Alternativen hat sich zum Beispiel der Zusatz von Grünteeextrakten als möglicherweise sinnvoll erwiesen. Dieser Zusatz hat in einer durchgeführten Studie die Anzahl an ausgeschiedenen Oozysten reduziert, auch wenn kein Einfluss auf den durch Kokzidiosen verursachten Gewichtsverlust erzielt werden konnte (JANG et al., 2007).

5.1.3.2 Futtermittel

Die bei dieser Studie 80%ige relative Häufigkeit von Kokzidieninfektionen in Zusammenhang mit der Verfütterung von Oregano ist eher von geringer Aussagekraft, da nur ca. 7 % der Bestände diesen Zusatz verfütterten. GIANNENAS et al. (2003) untersuchten bei Broilern den Effekt von Oreganoöl auf eine Infektion mit *Eimeria tenella*. Auch wenn in der Tiergruppe mit Zusatz dieses Öles neben einer reduzierten Ausscheidung von Oozysten eine höhere Überlebensrate und mildere blutige Durchfälle festgestellt werden konnten als in der infizierten Kontrollgruppe ohne Zusatz von Oreganoöl, so waren die positiven Effekte doch um einiges geringer als in der Tiergruppe, die ein Kokzidiostatikum erhalten hat (GIANNENAS et al., 2003). Daher sind weitere Untersuchungen notwendig um den effektiven Nutzen dieses Futterzusatzstoffes zu ermitteln.

5.2 Bakterien

5.2.1 Prävalenzen

Ein Ziel dieser Studie war es, im Darmtrakt vorkommende Bakterien zu erfassen, auch im Hinblick auf das damit einhergehende potentielle Krankheitsrisiko für die untersuchten Tiere bei Vorliegen von begünstigenden Faktoren, sowie zur Ermittlung eines potentiellen Infektionsrisikos für mögliche umliegende kommerzielle Bestände.

Bei den am häufigsten isolierten Bakterien handelt es sich einerseits um natürliche Darmbewohner, wie beispielsweise *E. coli* oder die Gattungen *Klebsiella* und *Enterococcus*, andererseits sind sie auch in der Umwelt ubiquitär verbreitet, wie *Bacillus* spp. oder *Proteus mirabilis*. Viele dieser Keime stellen allerdings auch bedeutende fakultativ pathogene Erreger dar.

Das Vorhandensein von Bakterien der Gattung *Campylobacter* wurde aufgrund der geringen Tenazität dieses Erregers und des in dieser Studie ausgewählten Untersuchungsmaterials nicht durchgeführt. Geflügelprodukte gelten als bedeutender Übertragungsweg dieser zoonotischen, thermophilen Erreger in die Lebensmittelkette (KRAMER et al., 2000; NEWELL und FEARNLEY, 2003; RAUTENSCHLEIN und RYLL, 2014). Im Jahr 2016 war *Campylobacter* der häufigste Verursacher bakteriell bedingter Durchfallerkrankungen beim Menschen in Deutschland (ROBERT KOCH-INSTITUT, 2017).

Da die untersuchten Kotproben nicht frisch aus der Kloake entnommen, sondern vom Erdboden aufgesammelt wurden, kann eine Verunreinigung des Untersuchungsmaterials mit in der Umwelt ubiquitär verbreiteten Bakterien nicht völlig ausgeschlossen werden. Allerdings wurden sehr wenige Keime nachgewiesen, die ausschließlich im Boden vorkommen, wie zum Beispiel *Solibacillus silvestris* oder *Brevibacillus borstelensis*. Eine Erklärung dafür könnten die im Allgemeinen niedrigeren Temperaturoptima dieser bodenbewohnenden Bakterien sein, so dass sie sich bei der verwendeten Anzuchttemperatur von 37°C weniger gut vermehren konnten und dadurch nicht nachgewiesen wurden.

Vorhergehende Studien haben gezeigt, dass bei Hühnern dominierende Bakterien des Darmmikrobioms unter anderem *E. coli*, sowie Mitglieder der Familien der Lactobacillaceae und Clostridiaceae sind (SHAPIRO und SARLES, 1949; SEKELJA et al., 2012; VIDENSKA et al., 2014). Außerdem bestehen innerhalb des Gastrointestinaltraktes Unterschiede in der quantitativen und qualitativen Zusammensetzung des Mikrobioms, so dass je nach Abschnitt des Verdauungstraktes die gleichen Bakterien in verschiedener Anzahl vorkommen oder gänzlich unterschiedliche Bakterien in den jeweiligen Darmregionen ansässig sind. Laktobazillen sind beispielsweise häufiger im oberen Abschnitt des Verdauungstraktes anzutreffen (SHAPIRO und SARLES, 1949; LU et al., 2003; SEKELJA et al., 2012). Das Mikrobiom bleibt SEKELJA et al. (2012) zufolge bei jedem Tier individuell innerhalb der jeweiligen Darmsegmente recht stabil, wobei das genaue Gegenteil auf die nachgewiesenen Bakterien im Kot zutrifft. So kommt es bei einem Huhn zu großen Schwankungen nachgewiesener Bakterien aus dem Kot. Die Ursache hierfür könnten die variierenden Entleerungen der einzelnen Darmabschnitte sein. So weiß man beispielsweise, dass das Zäkum sich nur 2-3 Mal pro Tag entleert. Da in der vorliegenden Studie Sammelkotproben von jeweils verschiedenen Individuen innerhalb der jeweiligen Bestände untersucht wurden, ist davon auszugehen, dass dementsprechend möglichst viele verschiedene der im Darmtrakt vorkommenden Bakterien erfasst wurden, insofern deren Nachweis mit den angewandten Methoden möglich war.

Die in dieser Arbeit in allen Kotproben vorhandenen *Escherichia coli* sind mittels MALDI-TOF nur schwer von der nah verwandten Gattung *Shigella* zu unterscheiden. Auch wenn zur Abhilfe neuere Methoden für das MALDI-TOF entwickelt wurden (KHOT und FISHER, 2013), so erfolgte die Differenzierung in der vorliegenden Studie mit Hilfe konventioneller Kulturtechniken, also des verwendeten Agars zur Anzucht der Enterobacteriaceae und der darauf sichtbaren spezifischen grünen Fluoreszenz des *E. coli*. MOERKE-SCHINDLER et al. (2017) fanden in den Kloakentupfern ebenfalls *E. coli* in der größten Anzahl, wobei die Prävalenz im Sommer mit 91 % der Bestände deutlich höher war als im Frühjahr (58 %). Insgesamt wurde *E. coli* bei 37 % der mittels Kloakentupfer beprobten Hühner nachgewiesen.

Im Gegenzug zur 100 % Prävalenz von *E. coli* erfolgte in der vorliegenden Studie kein Nachweis von *Pasteurella multocida*. Die alleinige Anzucht auf Blutagar scheint insbesondere beim Geflügel zur Diagnostik dieses Bakteriums nicht sensitiv genug zu sein. Außerdem ist eine Kotprobe zum Nachweis von Geflügelcholera nicht das geeignetste Untersuchungsmaterial. So wären Tupferproben aus dem oberen Respirationstrakt oder, bei septikämischen Verläufen, Blutproben sowie Organmaterial von frischtoten Tieren besser geeignet. Bei kulturellen Anzuchten besteht außerdem die Gefahr, dass die Begleitflora die Pasteurellen überwuchert (MUHAIRWA et al., 2001; DZIVA et al., 2008).

5.2.2 Vergleich der Prävalenzen bei Haltungen von Hobbyhaltern und Züchtern

Bei den unterschiedlichen Bakterienspezies spielen die Arten der gehaltenen Tiere sicherlich eine bedeutende Rolle. Zu berücksichtigen ist hier, dass einige Vogelarten oder Gemischtbestände nur in der Gruppe der Züchter zu finden waren, und dadurch Verzerrungen auftreten. So wurden einige Bakterien häufig in den Gemischtbeständen nachgewiesen, so dass diese dann bei Vergleich der relativen Häufigkeiten in den Beständen der Züchter häufiger als bei denen der Hobbyhalter auftreten. Insgesamt wurde jedoch eine größere Vielzahl an Bakterienarten sowie -gattungen bei den Zuchtbeständen im Vergleich zu den Hobbyhaltungen nachgewiesen. Dies könnte an der bedeutend höheren Anzahl an gehaltenen Tieren pro Bestand bei den Züchtern liegen. Da jedes Tier ein individuelles Darmmikrobiom mitbringt, erfasst man anhand von Sammelkotproben bei einer größeren Tieranzahl höchstwahrscheinlich eine größere Bandbreite an ausgeschiedenen Keimen.

5.2.3 Gattungen *Enterococcus* und *Staphylococcus*

Im Folgenden sollen die Gattungen *Enterococcus* und *Staphylococcus* näher diskutiert werden.

5.2.3.1 Gattung *Enterococcus*

Bei den untersuchten Kotproben in dieser Studie wurden 10 verschiedene Enterokokken-Spezies differenziert. Dies entspricht Ergebnissen vieler anderer Studien, sowohl beim Geflügel als auch bei anderen Nutztieren, Haustieren, Wildtieren und dem Menschen. Ein besonderes Augenmerk lag dabei auf den bei vielen Spezies feststellbaren Multiresistenzen gegen Antibiotika, wobei *E. faecium* und *E. faecalis* am häufigsten isoliert wurden, auch beim Geflügel (LEMCKE und BÜLTE, 2000; HAYES et al., 2004; KÜHN et al., 2005; POETA et al., 2005).

Enterokokken des Geflügels haben für den Menschen große Relevanz, da sie potentiell Träger von Antibiotikaresistenzen sein können. Der Resistenzentwicklung gegenüber dem Antibiotikum Vancomycin kommt hier eine besonders große Bedeutung zu, da dieser antimikrobielle Wirkstoff bislang eine wirksame Option gegen multiresistente Staphylokokken und Enterokokken darstellte (COOK und FARRAR, 1978; LUNDSTROM und SOBEL, 1995). Die Anzahl nachgewiesener resistenter Enterokokkenstämme ist mittlerweile von hoher Relevanz. So belegten sie in der zweiten nationalen Prävalenzstudie über nosokomiale Infektionen und Antibiotika-Anwendung in Deutschland den zweiten Platz in der Rangliste nachgewiesener nosokomialer Infektionen mit 13,2 %, hinter *E. coli* (18 %) und noch vor *Staphylococcus aureus* (13,1 %) (BEHNKE et al., 2013).

Frühere Studien zeigten ein besonders häufiges Auftreten von Vancomycin-resistenten Enterokokken (VRE) in Europa bei Produkten tierischer Herkunft, wohingegen beispielsweise in den USA überwiegend Nachweise in Krankenhäusern des Menschen erfolgten. Der erst seit 1997 in der Europäischen Union verbotene antimikrobielle Wachstumsförderer Avoparcin könnte auslösender Faktor für das Auftreten resistenter Stämme sein. In Schweden wurde sein Einsatz bereits 1986 verboten, in den USA kam er nie zum Einsatz. Eine Übertragung von VRE auf den Menschen könnte somit während des Schlachtvorganges erfolgt sein, über Verunreinigungen der Schlachtkörper mit den Ausscheidungen der Tiere und den darin enthaltenen multiresistenten Enterokokken. Die hohe Anzahl an resistenten Isolaten humaner Herkunft in den USA könnte durch den hohen Einsatz des Antibiotikums Vancomycin zu erklären sein (MCDONALD et al., 1997; WEGENER et al., 1999; HAYES et al., 2004). Bei der kontinuierlichen Überwachung der Anzahl an VRE in Dänemark war nach Verbot von Avoparcin in 1995 zumindest beim Geflügel eine deutliche Reduktion solcher Isolate erkennbar (BAGER et al., 1999).

Es kodieren viele verschiedene Gene die Vancomycin-Resistenz (*van*), wie *vanA*, *vanB*, *vanC1-3* oder auch *vanE* (ARTHUR und COURVALIN, 1993; QUINTILIANI JR et al., 1993; PERICHON et al., 1997; SATAKE et al., 1997; FINES et al., 1999). Vor allem Vancomycin-resistente Isolate, die das *vanA* Gen enthalten, sind von großer Bedeutung, da sie so genannte „high level“ Resistenzen vermitteln (KLARE et al., 1995; LEMCKE und BÜLTE, 2000). LEMCKE und BÜLTE (2000) untersuchten mittels Pulsfeldgelelektrophorese die Verwandtschaft der VRE humanen Ursprungs und vom Geflügel. Sie fanden deutliche Unterschiede zwischen beiden Gruppen. Ebenso detektierten sie Unterschiede zwischen den Geflügelisolaten aus verschiedenen Produktionen aus unterschiedlichen Ländern. AARESTRUPAGERSØGERNER-SMIDT et al. (2000) fanden demgegenüber ähnliche Resistenzmuster und -gene bei Menschen, Broilern und Schweinen. Es bedarf noch weiterer Forschung um die genauen epidemiologischen Zusammenhänge zwischen tierischen und humanen Isolaten zu klären (HAMMERUM, 2012).

Auch wenn Enterokokken Kommensalen oder transiente Darmbewohner sind (KAUKAS et al., 1986; DEVRIESE et al., 1991, July), so werden sie auch mit mannigfaltigen, opportunistischen Krankheitsausbrüchen beim Geflügel in Verbindung gebracht. *E. faecalis* wird als Erreger von Endokarditiden (GROSS und DOMERMUTH, 1962), als Verursacher von Arthritiden und der amyloiden Atrophie bei braunen Legehühnern (LANDMAN et al., 1994), bei Broilerlinien (LANDMAN et al., 1998), aber auch bei den *Anseriformes* (ZSCHIESCHE und JAKOB, 1989) diskutiert. Bei akuten Septikämien in Pekingentenküken wurde *E. faecium* isoliert (SANDHU, 1988). Unter experimentellen Bedingungen wurde neben *E. faecium* auch *E. durans* als Erreger von Endokarditiden beschrieben (DOMERMUTH und GROSS, 1969). Letztgenannte Spezies wurde in jungen Hühnern mit vorliegenden Bakteriämien und Enzephalomalazien detektiert (CARDONA et al., 1993). Mit Defekten in der Gehirnschubstanz in Verbindung gebracht wird auch *E. hirae* (DEVRIESE et al., 1991, Octobre; RANDALL et al., 1993). Daneben wurde *E. hirae* in einem kommerziellen Legehennenbetrieb in Japan bei bestehenden Durchfällen mit einhergehenden Todesfällen in erhöhter Anzahl aus dem Darm isoliert (KONDO et al., 1997).

Die durch *E. cecorum* verursachten Krankheitsbilder sind ebenso vielfältig und reichen von Osteomyelitiden und Arthritiden (HERDT et al., 2009; STALKER et al., 2010; MAKRAI et al., 2011) bis hin zu Perikarditiden und erhöhter Mortalität. Die Isolate von *E. cecorum* sind

äußert verschieden, wohingegen BOERLIN et al. (2012) zeigen konnten, dass die klinisch krankmachenden Isolate eher einem Hauptklon angehörig sind. KENSE und LANDMAN (2011) konnten bei infizierten Broilern nach Probenentnahme aus Läsionen keine Zugehörigkeit zu einem einzigen Klon feststellen. Hingegen bestand bei den Elternlinien eine nähere Verwandtschaft der Isolate von *E. cecorum*, allerdings stammte das Probenmaterial bei diesen Tieren größtenteils aus Kloakenabstrichen. Nichtsdestotrotz konnten die Autoren keine vertikale Übertragung von *E. cecorum* bei Broilern nachweisen und stuften diese als eher unwahrscheinlich ein. In experimentellen Studien konnten vertikale Übertragungen von *E. faecalis* in geringer Anzahl erzeugt werden, wobei die Autoren diesen Übertragungsweg ebenfalls für wenig bedeutsam halten (LANDMAN et al., 1999; LANDMAN et al., 2001).

Über die Spezies *E. columbae* ist bislang wenig bekannt. Sie wurde erstmals aus dem Darm von domestizierten Tauben isoliert (DEVRIESE et al., 1990b). Weitere Untersuchungen zur Zusammensetzung der grampositiven Bakterien der Darmmikrobiota haben *E. columbae* als dominierende Spezies bei Tauben bestätigt (BAELE et al., 2002). Nachweise bei anderen Tieren liegen bislang nicht vor. Ob *E. columbae* als Krankheitserreger eine Rolle spielt, ist ebenfalls unbekannt.

Bei 3 von 4 Beständen mit in dieser Studie nachgewiesenen Isolaten von *E. columbae* wurde nicht über Tauben als Kontakttiere berichtet, bei dem vierten Bestand lagen keine Angaben zu den Haltungsbedingungen der Tiere vor. Eine mögliche Erklärung für die Isolierungen könnte die Verunreinigung der Ausläufe durch Eintrag der Ausscheidungen von Wildtauben sein.

Enterococcus aquimarinus wurde wie der Speziesname zu erkennen gibt, aus dem Meerwasser isoliert. Nächstverwandte sind 4 andere Spezies, darunter *E. saccharolyticus* und *E. sulfureus* (ŠVEC et al., 2005). Beschreibungen über klinisch relevante Isolate lagen bis zum Verfassen dieser Arbeit nicht vor.

5.2.3.2 Gattung *Staphylococcus*

Staphylokokken sind weit verbreitet und werden in Koagulase-negative und Koagulase-positive Spezies unterteilt. Beide Gruppen können Verursacher von ernstzunehmenden Infektionen sein (BANNERMAN, 2003). Bei den in der vorliegenden Studie aus Kotproben isolierten Staphylokokken wurden nur Koagulase-negative Spezies gefunden. Somit erfolgte bei dieser Studie auch kein Nachweis von *Staphylococcus aureus*.

Die Koagulase-negativen Staphylokokken (KNS) galten lange Zeit als unbedeutende Kommensalen der Haut und Schleimhäute, sowohl beim Geflügel als auch beim Menschen. Insbesondere in der Humanmedizin stellen nosokomiale Infektionen, verursacht durch KNS, mittlerweile ein zunehmendes Problem dar, auch aufgrund ihrer Fähigkeit zur Biofilmbildung (HUEBNER und GOLDMANN, 1999; PIETTE und VERSCHRAEGEN, 2009). Diese Fähigkeit ist insbesondere bei *Staph. epidermidis* bekannt und bei dieser Spezies auch am besten erforscht (KOZITSKAYA et al., 2005), neben der Bestimmung von weiteren Virulenzfaktoren (OTTO, 2004). Daneben tritt *Staph. epidermidis* auch als häufige KNS-Spezies bei Endokarditiden auf (CHU et al., 2004). *Staph. saprophyticus* ist häufig als Erreger von Harnwegsinfektionen bekannt (RAZ et al., 2005). Die Zunahme von durch KNS verursachte Infektionen liegt PIETTE und VERSCHRAEGEN (2009) nach daran, dass die Zahl an

immundefizienten Patienten steigt, genauso wie der Einsatz an invasiven Methoden und von medizinischen Materialien wie Katheter, die anfällig für Biofilmbildung sind.

Beim Geflügel wurden vereinzelt opportunistische Infektionen mit KNS beschrieben, beispielsweise bei Hühnern (KIBENGE et al., 1983), Broilern (SCANLAN und HARGIS, 1989; AWAN und MATSUMOTO, 1998) und Truthühnern (JENSEN et al., 1987).

Die Ausbreitung multiresistenter Stämme innerhalb der KNS stellt ein weiteres Problem dar (ARCHER und CLIMO, 1994), neben den schon bekannten multiresistenten *Staph. aureus*. Untersuchungen zur Verbreitung solcher resistenten Stämme innerhalb von kommerziellen Geflügelhaltungen ergaben eine recht hohe Verbreitung (KAWANO et al., 1996; AWAN und MATSUMOTO, 1998; NAWAZ et al., 1999; AARESTRUPAGERSØAHRENS et al., 2000).

Die in der vorliegenden Arbeit am häufigsten isolierte KNS-Spezies war mit Abstand *Staph. xylosus*, gefolgt von *Staph. sciuri*. Die Rolle dieser Keime als Krankheitserreger ist vermutlich gering. So wird *Staph. xylosus* zum Beispiel auch in der Lebensmittelindustrie als Starterkultur für die Fermentation von Fleischprodukten verwendet (RESCH et al., 2008). Es wurden aber auch resistente Isolate dieser Spezies aus dem Bioaerosol kommerzieller Broilerhaltungen isoliert (J. VELA et al., 2012).

Zusammenfassend kann man sagen, dass sowohl Bakterien der Gattung *Enterococcus* als auch jene der Gattung *Staphylococcus*, faktorenbedingte Erkrankungen beim Geflügel auslösen können. Vor allem stellen sie aber ein großes potentiell Infektionsrisiko für den Menschen dar, einerseits durch Eintrag in die Lebensmittelkette, andererseits aufgrund der erhöhten Anzahl ausgebildeter Multiresistenzen. Es bedarf weiterer Forschung um diese Entwicklung zu verstehen und möglicherweise die Ausbildung neuer Resistenzfaktoren und -gene einzudämmen.

5.2.4 Einfluss von Kovariablen

Die Studienteilnehmer wurden auf den Fragebögen unter anderem nach bekannten Symptomen oder Erkrankungen ihrer Tiere befragt und ob entsprechende Vorbehandlungen vor Studienbeginn erfolgt sind. Ebenso sollte der Einsatz verschiedenster Futtermittel erläutert werden. Bei der Auswertung dieser Kovariablen im Zusammenhang mit der Nachweishäufigkeit der Bakterienisolate muss berücksichtigt werden, dass die relativen Häufigkeiten von der absoluten Häufigkeit abhängig sind. So steigen die relativen Häufigkeiten bedeutend schneller an, wenn eine Kovariable insgesamt nur bei einer kleinen Anzahl der teilnehmenden Bestände zutreffend war.

5.2.4.1 Vorbehandlungen

Die im Vorfeld dieser Studie eingesetzten antibiotischen oder antiparasitischen Wirkstoffe wurden nicht abgefragt, sondern nur um eine Angabe gebeten, ob eine entsprechende Therapiemaßnahme stattgefunden hat.

VIDENSKA et al. (2013) konnten zeigen, dass bereits 2 Tage nach Einsatz von Tetracyclin sowie Streptomycin die Vielfalt des Darmmikrobioms der untersuchten Lohmann-Hühner abnahm. Nach Applikation beider Antibiotika bei juvenilen sowie adulten Hühnern, nahm nur die Speziesanzahl der Gattungen *Enterococcus* sowie *Escherichia* proportional zu. Die Wiederherstellung der Bakterienvielfalt des Gastrointestinaltraktes erfolgte nach

Beendigung der Antibiotikagaben so schnell wie der Abfall nach Therapiebeginn stattfand (VIDENSKA et al., 2013). Betrachtet man in der vorliegenden Studie die 3 am häufigsten isolierten Spezies der Gattung *Enterococcus*, so nahmen nach Einsatz von Antibiotika die Nachweise von *Enterococcus faecalis* ab, wohingegen *E. faecium* und *E. casseliflavus* häufiger isoliert wurden. Die relative Häufigkeit durchgeführter antibiotischer Behandlungen lag allerdings auch nur bei 5,88 %.

Antiparasitische Behandlungen wurden hingegen mit 25,88 % bedeutend häufiger durchgeführt. Studien zum Effekt von regelmäßigen Anwendungen von Antiparasitika auf die Häufigkeit von Infektionen bei im Freiland gehaltenen Hobby- oder Rassehühnern liegen derzeit nicht vor, so dass darüber nur spekuliert werden kann. Eine Unterbrechung der Infektionskette gestaltet sich unter Freilandbedingungen als schwierig, nicht nur aufgrund der häufig hohen Tenazität der Parasiten in der Außenwelt, sondern auch aufgrund der bei vielen Erregern in den Entwicklungszyklus eingeschalteten Zwischenwirte, in denen sich die Parasiten der Bekämpfung entziehen. Ein bei häufigen Behandlungen erhöhtes Risiko der Entwicklung von Resistenzen ist sicher auch nicht auszuschließen. In den durchgeführten parasitologischen Untersuchungen wurden überwiegend geringe Parasitenlasten festgestellt. Bei klinisch gesunden Tieren kann man davon ausgehen, dass Infektionen meistens subklinisch verlaufen und die Schleimhautschädigungen des Gastrointestinaltraktes nicht als gravierend einzuschätzen sind. Eine klinische Untersuchung der Studientiere wurde außerdem nicht durchgeführt. Aus diesen Gründen gestaltet es sich als schwierig, eine Aussage über den Einfluss eingesetzter antiparasitischer Substanzen auf die Zusammensetzung des Darmmikrobioms zu treffen.

5.2.4.2 Symptome und Erkrankungen

In dieser Studie wurde das Vorkommen von Krankheitssymptomen lediglich in Form eines Fragebogens erfasst, jedoch keine eigenen klinischen Untersuchungen der Studientiere durchgeführt, so dass die Zuverlässigkeit und Vollständigkeit der Angaben möglicherweise eingeschränkt ist. Trotzdem soll versucht werden, die erhobenen Daten im Folgenden zu bewerten.

Unter den aufgeführten respiratorischen Symptomen kamen Atemgeräusche am häufigsten vor, nämlich bei 13 der 86 untersuchten Bestände. Lässt man das in allen Beständen nachgewiesene Bakterium *E. coli* außer Betracht, waren die relativen Häufigkeiten der 10 meistisolierten Bakterien im Vergleich zur Gesamthäufigkeit bei 9 dieser 10 Keime bei Vorliegen von Atemgeräuschen erhöht. Als Ursache für diese Atemgeräusche kommen differentialdiagnostisch unter anderem eine Infektion mit *Mycoplasma gallisepticum* oder *Mycoplasma synoviae* sowie weitere bakterielle sowie virale Infektionserreger in Betracht. In der vorliegenden Untersuchung wurden jedoch keine Laboruntersuchungen für den Nachweis von Mykoplasmen oder Viren durchgeführt, so dass unklar ist, ob diese Erreger die Ursache für die Atemgeräusche darstellen und dadurch bedingt die Häufigkeit der 10 meistisolierten Bakterien anstieg. Es ist jedoch bemerkenswert, dass in den 6 Beständen mit vorberichtlich nachgewiesenen Mykoplasmosen diese Zunahmen der Nachweisrate der meistisolierten Keime nicht bestätigt werden konnten.

Zusammenfassend kann man sagen, dass keine eindeutigen Verschiebungen der relativen Häufigkeiten nachgewiesener Bakterien bei den aufgeführten Symptomen sowie Erkrankungen festgestellt werden konnten im Vergleich zur Gesamthäufigkeit der isolierten

Keime. Möglicherweise war das Auftreten einiger aufgeführten Symptome sowie Erkrankungen zu gering um Zusammenhänge mit den nachgewiesenen Bakterienisolaten feststellen zu können. Es sollte nach weiteren gemeinsamen Faktoren gesucht werden um den Einfluss der dargestellten Kovariablen weiter zu bestimmen. So könnte der Gesundheitsstatus der Studientiere nicht anhand von vorliegenden Symptomen innerhalb der Bestände bestimmt werden, sondern anhand durchgeführter klinischer Untersuchungen mit anschließender Bestimmung eines möglichen Einflusses des Gesundheitsstatus der Tiere auf die Zusammensetzung des Darmmikrobioms.

Für den Gesundheitsstatus der Bestände sind neben entsprechenden Hygienemaßnahmen auch prophylaktisch durchgeführte Immunisierungen von Bedeutung, beispielsweise gegen Newcastle Disease, die Infektiöse Bronchitis, die Marek-Krankheit oder auch gegen Mykoplasmosen. In den kommerziellen Beständen sind Impfungen gegen die Newcastle Disease und gegen Salmonellen in Deutschland gesetzlich geregelt (Geflügelpest-Verordnung, Geflügel-Salmonellen-Verordnung) oder werden aufgrund der Gefahr von erheblichen Verlusten als mögliche Prophylaxe gegen andere Infektionserreger standardmäßig durchgeführt. In den kleinen Hobbyhaltungen besteht in Deutschland lediglich eine gesetzlich vorgeschriebene Impfpflicht gegen die Newcastle Disease, dies bei Hühnern und Puten. Darüber hinaus ist der Einsatz von Impfungen in den nicht-kommerziellen Beständen generell als nicht weit verbreitet anzusehen. Dies mag einerseits an fehlenden fachkundigen Tierärzten liegen mit einhergehendem Fehlen von Ansprechpartnern für die Hobbygeflügelhalter, sowie auch am Mangel von Tierärzten, die bei diesen Hobbyhaltungen Impfungen durchführen. Andererseits spielt auch fehlendes Wissen bei manchen Geflügelhaltern eine Rolle mit entsprechenden Auswirkungen auf die praktizierte Impfmoral.

5.2.4.3 Futtermittel

Da in der kommerziellen Geflügelhaltung die Futterkosten 70 % der Ausgaben ausmachen (AGGREY et al., 2010), spielt die Futterverwertung sowie die damit einhergehende tägliche Gewichtszunahme eine entscheidende Rolle, so dass eine Vielzahl an Studien zum möglichen Einfluss ausgewählter Futtermittel existiert. So war die Anzahl von Aerobiern im Ileum sowohl bei 4 Tage alten, als auch bei 14 Tage alten Hühnern nach Verfütterung von Roggen oder Pektin höher als nach Angebot eines Mais-Sojabohnen-Mischfutters (WAGNER und THOMAS, 1978).

In der vorliegenden Studie wurden die unterschiedlichen Zusammensetzungen der verwendeten Körnerfutter nicht abgefragt, da das Augenmerk auf der Futterstruktur lag. So konnten APAJALAHTI et al. (2001) zeigen, dass das Mischfutter von zwei verschiedenen Herstellern selbst bei gleicher Rohsubstanz einen unterschiedlichen Einfluss auf die Zusammensetzung des Darmmikrobioms bei Broilern hat. Eine Erklärung hierfür könnte den Autoren zufolge die verwendeten Temperatur- und Druckverhältnisse während des Herstellungsprozesses sowie die dadurch entstandene unterschiedliche Futterstruktur sein. Die notwendige Partikelgröße des verwendeten Futters für eine optimale Futterverwertung und Erhaltung eines gesunden Darmmikrobioms wurde bei anderen Tierarten, wie zum Beispiel bei Rindern ausführlich erforscht, wohingegen beim Geflügel wenig Studien dazu vorliegen (AMERAH et al., 2007). So weiß man beispielsweise, dass domestizierte Hühner größere Futterpartikel bevorzugen (SCHIFFMAN, 1968), unabhängig von deren Alter (PORTELLA et al., 1988). Die Größe der Futterpartikel hat bei juvenilen Tieren einen Einfluss

auf die Entwicklung des Gastrointestinaltraktes (NIR et al., 1994). Zudem ist sie entscheidend für die Passagezeit mit damit einhergehender Futterverwertung, Energiegewinnung und Zusammensetzung der bakteriellen Besiedlung des Verdauungstraktes (AMERAH et al., 2007).

In der vorliegenden Studie konnte bei den neben dem Körnerfutter häufiger angebotenen Futtermitteln, wie Obst und Gemüse (71/86 Bestände), Legemehl (37) oder Küchenabfällen (42) keine absteigende sowie aufsteigende Tendenz der Nachweishäufigkeiten im Vergleich zu den Gesamthäufigkeiten der meistisolierten Bakterien festgestellt werden. Es bedarf weiterer Studien um den Einfluss verwendeter Futtermittel sowie Futterzusatzstoffe auf das Darmmikrobiom beim Geflügel zu ermitteln.

5.2.5 Gattung *Salmonella*

Aufgrund des längst bekannten infektiösen Potentials der *Salmonella* mit ehemals großen Ausbrüchen und Verlustraten in kommerziellen Geflügelbetrieben (HINZ et al., 1989; D. A. ANDERSON, 1992; CHRISTENSEN et al., 1994) sowie aufgrund ihres Zoonosepotentials, wurden Ausbrüche durch Verschärfung der Hygienemaßnahmen und Schaffung von erregerefreien Elternlinien stark eingedämmt. In einigen Ländern, wie Schweden und Dänemark, gelten kommerzielle Haltungen aufgrund von umfangreichen Eradikationsprogrammen mittlerweile als Salmonellen-frei (WEGENER et al., 2003). Im Gegensatz dazu werden nicht-kommerzielle Haltungen, also Hinterhofbestände von Zier- und Rassegeflügel bei Privatpersonen, generell als latent infiziert angesehen (BEAM et al., 2013).

In den letzten Jahren wurden weltweit latent mit Salmonellen infizierte Hühner aus Hobbyhaltungen identifiziert. So wurden im Iran 35 Bestände aus unterschiedlichen Regionen mittels Kloakentupferproben auf Salmonellen untersucht. Bei 2 Beständen konnte *Salmonella* Typhimurium und bei einem weiteren *Salmonella* Enteritidis nachgewiesen werden (JAFARI et al., 2007). Ebenso wurden in Finnland vereinzelt Salmonellen isoliert (POHJOLA et al., 2016). In den USA erfreuen sich kleine Hobbyhaltungen im eigenen Garten zur Eierproduktion für den Eigenbedarf einer immer größeren Beliebtheit. Daher werden mittlerweile Umfragen über das Hintergrundwissen der Geflügelhalter mit dem Ziel der gleichzeitigen Aufklärung über mögliche Infektionsrisiken durchgeführt (BEAM et al., 2013). Es fanden einer Untersuchung von BEHRAVESH et al. (2014) zufolge, in den USA während einer Periode von 16 Jahren 45 Übertragungen von Salmonellen auf den Menschen statt. Da viele humane Salmonellosen unerkant bleiben, wird die tatsächliche Infektionsrate deutlich höher geschätzt, als diese Zahlen vermuten lassen (BEHRAVESH et al., 2014). In Kalifornien gelten kommerzielle fleischerzeugende Hühner- und Truthühnerbetriebe als frei von *Salmonella* Pullorum. Bei 56 nicht-kommerziellen Hühner- sowie 7 solcher Truthühnerhaltungen, die in einer Entfernung von einer Meile zu 22 kommerziellen Fleischerzeugern lagen, wurde hingegen mittels Antikörper-Nachweisen ein Vorkommen dieser Salmonellen belegt (MCBRIDE et al., 1991). Auch in Süd-Australien spielen Salmonellen bei Zier- und Rassegeflügel eine Rolle. So wurden bei Untersuchungen von 30 Hobbyhaltungen Salmonellen mit einer Nachweisrate von 10,4 % isoliert (MANNING et al., 2015). In der Schweiz fanden WUNDERWALD und HOOP (2002) in 1002 Blutproben aus 40 Beständen in 10 % der Blutproben Antikörper gegen *Salmonella* Gallinarum und/oder Pullorum sowie eine Infektionsrate der Bestände von 62,5 %. Zwischen 1986 und 1996 isolierten HOOP und ALBICKER-RIPPINGER (1997) aus einer nicht bekannten Anzahl von tot

zur Sektion eingesandten Geflügel 37 *Salmonella* Gallinarum-Pullorum-Stämme, wovon 33 Isolate vom Rassegeflügel stammten.

Sowohl in der vorliegenden Studie zu Zier- und Rassegeflügelhaltungen aus dem Raum Bayern als auch in einer aktuellen Studie aus der Leipziger Umgebung (MOERKE-SCHINDLER et al., 2017) konnten keine Salmonellen detektiert werden. In beiden Studien erfolgte das Screening anhand von Sammelkotproben aus der gesamten Herde mit nachfolgenden Anzuchtverfahren. Dieses Untersuchungsmaterial wurde als am sensitivsten beurteilt im Vergleich zur Untersuchung von Kloakentupfern oder Serumproben (PETERS et al., 1991).

In der vorliegenden Dissertationsschrift wurde auf die Verwendung des Muller-Kauffmann-Tetrathionate Flüssigmediums (MKT) als Selektivmedium verzichtet. Es kam ausschließlich das Rappaport-Vassiliadis (RV) Medium zum Einsatz. Studien haben gezeigt, dass das RV-Medium eine höhere Nachweisrate hat, sowohl unter Feldbedingungen als auch bei der experimentellen Verwendung (RHODES und QUESNEL, 1986; SCHLUNDT und MUNCH, 1993). Hinzu kommt, dass das RV-Medium eine einfachere Zusammensetzung hat und somit leichter herzustellen ist. Außerdem werden kleinere Volumina benötigt und es ist kostengünstiger (BECKERS et al., 1987).

Obwohl rund 60 % der Anzuchten auf dem modifizierten halbfesten RV-Agar (MSRV) ein Schwärmverhalten gezeigt haben, konnten auf dem verwendeten Selektivnährboden keine für Salmonellen typischen Kolonien angezüchtet werden. Dieser MSRV gilt größtenteils als sensitivste Nachweismethode bei Probenmaterialien unterschiedlichster Herkunft (VOOGT et al., 2001; WORCMAN-BARNINKA et al., 2001), selbst bei einer großen Anzahl an Kompetitivflora (DE SMEDT und BOLDERDIJK, 1987; DE MEDICI et al., 1998). Zusätzlich erfolgte die Differenzierung aller bei der Salmonellen-Anreicherung angezüchteter Keime mittels MALDI-TOF um keine atypischen Salmonellen zu übersehen (READ et al., 1994). Diese atypischen, H₂S-negativen oder Lactose-positiven Isolate, bilden auf dem Selektivagar beispielsweise keine typischen schwarzen Kolonien.

Alles in allem erfolgte bei dieser Arbeit eine sehr breit gefächerte Salmonellen-Anreicherung mit Einsatz von sensitiven Methoden sowie einer Kombination aus verschiedensten Verfahren. Nichtsdestotrotz konnte kein Nachweis erfolgen, so dass davon auszugehen ist, dass Salmonelleninfektionen in den untersuchten Beständen tatsächlich nicht vorkamen. Allerdings ist nicht auszuschließen, dass eine zu große Bakteriendichte vorlag, was die Schwärmkulturen auf dem MSRV erklären würde. Eine zu geringe Infektionslast mit *Salmonella* beziehungsweise eine für die angewandten Testverfahren unter der Nachweisgrenze liegende Infektionsrate kommen ebenfalls in Betracht.

Es bedarf weiterer Untersuchungen, bestenfalls mit Probenmaterial verschiedenster Herkunft, unterschiedlichen Probeentnahmetechniken und unter Anwendung verschiedenster Untersuchungsverfahren im direkten Vergleich, um die Infektionslast nicht-kommerzieller Hobbyhaltungen in Deutschland und im Raum Bayern zu erfassen.

5.3 Koinfektionen

Unter den parasitären und bakteriellen Koinfektionen ist insbesondere das Zusammenspiel von den Kokzidien mit *Clostridium perfringens* bei der Nekrotisierenden Enteritis bekannt (AL-SHEIKHLY und AL-SAIEG, 1980; COLLIER et al., 2008). Bei dieser Studie konnten keine

erhöhten relativen Häufigkeiten eines gemeinsamen Vorkommens dieser beiden Pathogene festgestellt werden, außer in den beiden Beständen bei denen eine NE vorlag. In diesen beiden Fällen traten beide Infektionserreger zu 100 % gemeinsam auf.

Abgesehen von den in allen Fällen isolierten *E. coli* mit dementsprechend einhergehenden 100 %igen relativen Häufigkeiten, fallen ein erhöhtes gemeinsames Vorkommen von *Corynebacterium* sp., *Enterobacter* sp., *Enterococcus faecium* und *Lactobacillus salivarius* mit *Ascaridia galli* auf. JOHNSON und REID (1973) fanden heraus, dass keimfreie Hühner mit *A. galli* infiziert werden können, auch wenn die adulten Würmer dort ein geringeres Längenwachstum als bei einer konventionell gehaltenen Kontrollgruppe zeigen. Außerdem wiesen gnotobiotische Hühner nach Infektion mit *Bacillus subtilis*, *Bacillus cereus* oder *Penicillium* sp. eine geringere Infektionslast von *A. galli* auf als die konventionellen Hühner. Nach pathologischer Untersuchung von kommerziellen Legehennen und bakterieller Anzucht von Darminhalt konnten OKULEWICZ und ZŁOTORZYCKA (1985) bei mit Spulwürmern infizierten Tieren sowohl eine geringere Bakterienvielfalt als auch geringere Anzahlen von Bakterien kultivieren als bei *A. galli*-freien Hennen. Daher kommen die Autoren zu dem Schluss, dass mit dem Vorkommen von *A. galli* antibakterielle Wirkungen verbunden sind. MIDHA et al. (2017) konnten die Fähigkeit von Nematoden zur Produktion verschiedener antimikrobiell wirksamer Substanzen nachweisen. Es gibt aber auch experimentelle Untersuchungen, die zu einem gegenteiligen Schluss kommen, also zu einem erhöhten Vorkommen von Bakterien bei Vorliegen von Infektionen mit Nematoden. So stieg die Anfälligkeit für tracheale Infektionen mit *E. coli* und *Pasteurella multocida* bei zuvor mit *A. galli* infizierten Hühnern an. Allerdings sank bei den mit *E. coli* infizierten Tieren die Parasitenlast ab. Bei dem mit Geflügelcholera-Erregern infiziertem Geflügel verringerte sich zusätzlich noch die Eizahl pro Gramm Kot, also die Fruchtbarkeit der Askariden (DAHL et al., 2002; A. PERMIN et al., 2006). Zunächst mit *Salmonella* Enteritidis und anschließend mit *A. galli* infizierte Hühner schieden ebenso weniger Parasiteneier aus als Tiere, die in umgekehrter Reihenfolge koinfiziert wurden oder nur mit Askariden infizierte Hühner. Die Anzahl adulter Würmer war in der Gruppe mit zunächst mit *A. galli* infizierten Hühnern geringgradig höher als in den beiden anderen Gruppen (EIGAARD et al., 2006).

Das Darmmikrobiom wird meistens ohne Berücksichtigung vorliegender Endoparasitosen untersucht. Eine direkte Interaktion bakterieller und parasitärer Infektionserreger geschieht durch die Produktion und Freisetzung antibakteriell-wirksamer Substanzen der Nematoden, welche anschließend von den Bakterien aufgenommen werden (HAUCK, 2017). So wurden bei human- und schweinepathogenen Rundwürmern der Gattung *Ascaris* Lektine, Lysozyme oder auch bakterizid-wirkende Peptide identifiziert. Bei Menschen, Schweinen und Mäusen konnten Einflüsse von Nematoden auf die Zusammensetzung sowie die Vielfalt des Darmmikrobioms festgestellt werden (MIDHA et al., 2017). In der vorliegenden Studie stiegen die Nachweise von *Lactobacillus salivarius* bei Vorliegen einer Infektion mit *Ascaridia galli* an. Bei Studien mit *Mus musculus* wurden nach Infektion mit *Trichuris muris* unter anderem eine Abnahme der bakteriellen Diversität sowie eine Zunahme von Lactobacillaceae festgestellt (MIDHA et al., 2017). Eine indirekte Interaktion bakterieller und parasitärer Infektionserreger findet beispielsweise durch Schädigung der Darmmukosa statt, die eine Veränderung des Darmmilieus zufolge hat oder aber auch durch eine Stimulierung der Wirtsimmunität (HAUCK, 2017).

In der vorliegenden Studie stiegen bei Vorliegen einer Infektion mit Spirurida die relativen Häufigkeiten einiger Bakterien, wie die der oft isolierten Spezies *Enterococcus faecium*, *E. faecalis*, *Klebsiella pneumoniae* oder *Lactobacillus salivarius* bedeutend an im Vergleich zu deren Gesamthäufigkeit. Da Spirurida insgesamt nur mit einer Gesamtanzahl von 5,88 % diagnostiziert wurde, sind diese Anstiege der relativen Häufigkeiten aber noch von geringer Aussagekraft.

Es bedarf also weiterer Untersuchungen um mögliche Einflüsse von geflügelpathogenen Endoparasiten auf die Zusammensetzung der Bakterien des Gastrointestinaltraktes zu ermitteln und um die Zusammenhänge bakterieller und parasitärer Erkrankungen zu verstehen und gegebenenfalls positiv nutzen zu können

5.4 Schlussfolgerungen

Die Freilandhaltung von Zier- und Rassegeflügel weist sowohl positive wie auch negative Aspekte auf, die sich auch auf das Vorkommen von Parasiten und Bakterien auswirken.

Einerseits kommt die Weidehaltung im Vergleich zur Stallhaltung den natürlichen Lebensbedingungen mit den entsprechenden klimatischen Einflüssen am nächsten. Zusätzlich erlaubt die Freilandhaltung dem gehaltenen Geflügel eher, sein arttypisches Verhalten auszuleben, was weniger Stress für die gehaltenen Tiere mit sich bringt. Daraus ergeben sich positive Auswirkungen auf das Immunsystem, wie entsprechende Untersuchungen bei Legewachtern gezeigt haben (EL-TARABANY, 2016; EL-TARABANY, 2016).

Andererseits birgt der Kontakt zu den Ausscheidungen von Wildvögeln und möglicherweise darin enthaltenen Infektionserregern ein potentiell Infektionsrisiko (CRAVEN et al., 2000; FALLACARA et al., 2004; KRUSE et al., 2004). Hinzu kommt eine stärkere Exposition zu Schadinsekten (DAVIES und WRAY, 1995) und zu Stapelwirten als mögliche Träger von bakteriellen und parasitären Erregern (R. C. ANDERSON, 1988; HECHINGER und LAFFERTY, 2005). Zudem sind Stallungen im Gegensatz zu Weideflächen deutlich leichter zu reinigen und zu desinfizieren, und es existieren entsprechende Anwendungshinweise für die jeweiligen Desinfektionsmittel, so dass ein Erfolg der Desinfektion bei Einhaltung dieser Anleitungen sicher gestellt ist (BÖHM, 1998).

Die diagnostizierten Endoparasiten waren von großer Diversität, allerdings lagen die parasitären Erreger insgesamt in geringer Anzahl vor. Unter den differenzierten Bakterien wurden überwiegend sekundär oder fakultativ pathogene Infektionserreger nachgewiesen. Nichtsdestotrotz stützen die Untersuchungsergebnisse die Auffassung, dass Hobbyhaltungen ein potentiell Infektionsrisiko für benachbarte kommerzielle Geflügelhaltungen bei Eintrag der Erreger darstellen können. Bei Einhaltung entsprechender Biosecuritymaßnahmen ist das Risiko allerdings als gering einzustufen.

Insbesondere für immunsupprimierte Geflügelhalter können die diagnostizierten Bakterien ein ernstzunehmendes Infektionsrisiko darstellen. Daher sollte beim Umgang mit den Tieren und bei Kontakt zu deren Ausscheidungen auf Einhaltung entsprechender Hygienemaßnahmen geachtet werden.

VI. ZUSAMMENFASSUNG

Die vorliegende Studie hatte zum Ziel, die Prävalenzen von parasitären und bakteriellen Infektionserregern in Hobbyhaltungen und nicht-kommerziellen Zuchthaltungen von Zier- und Rassegeflügel zu erfassen. Ebenso sollten mögliche Koinfektionen ermittelt werden und gegebenenfalls Rückschlüsse auf ein mögliches Infektionsrisiko für benachbarte kommerzielle Geflügelbestände gewonnen werden.

An der Studie partizipierten insgesamt 61 Geflügelhalter aus Bayern. Bei 29 Haltern handelte es sich um nicht-kommerzielle Züchter, während 32 Halter keinem Zuchtverein angehörten und als Hobbyhalter bezeichnet wurden. Die Studienteilnehmer besaßen teilweise mehrere Bestände beziehungsweise getrennt gehaltene Tiergruppen, die jeweils einzeln untersucht wurden. Zur Erfassung einiger Parameter, wie der eingesetzten Futtermittel, vorhandenen Symptomen oder diagnostizierten Erkrankungen mit eventuellen Vorbehandlungen innerhalb der Bestände, erhielten die Studienteilnehmer einen Fragebogen zum Ausfüllen.

Der Untersuchungszeitraum erstreckte sich über 6 Wochen im Spätsommer 2017. Untersucht wurden Sammelkotproben auf Bestandsebene. Bei den durchgeführten parasitologischen Untersuchungen, die mittels Mikroskopie und Anwendung eines Direktausstriches und dem Flotationsverfahren durchgeführt wurden, wurden insgesamt 8 verschiedene Parasitengruppen diagnostiziert. *Coccidia*, *Capillaria* und *Heterakis* wurden in absteigender Reihenfolge am häufigsten gefunden. Zusätzlich wurden noch *Ascaridia*, *Amidostomum anseris*, *Cyathostoma bronchialis*, *Cestoda* und Spirurida nachgewiesen. Die Befallsintensität der einzelnen Endoparasiten wurde meist als gering eingestuft, allerdings waren Mischinfektionen die Regel.

Die bakteriologischen Untersuchungen hatten die Erfassung von im Darmtrakt vorkommenden Bakterien zum Ziel. Nach den aeroben und anaeroben Probenanzuchten erfolgte die anschließende Differenzierung mittels MALDI-TOF. Lieferte die Massenspektrometrie kein Ergebnis, so kamen zusätzliche Methoden, wie das Anfertigen von Gram-gefärbten Ausstrichpräparaten, die Anwendung von Enzymtests oder auch die Verwendung der API®-Testsysteme zum Einsatz. Insgesamt wurden 40 verschiedene Bakteriengattungen diagnostiziert. Eine Vielzahl dieser Gattungen mit den entsprechenden Spezies stellte einerseits einen Teil des gewöhnlichen Darmmikrobioms dar, andererseits handelte es sich aber auch um opportunistische Infektionserreger, welche sowohl für die Tiere als auch für den Menschen ein Pathogenitätspotenzial besitzen.

Die Salmonellen-Anreicherungen erfolgten mit Voranreicherung in Peptonwasser, gefolgt von einer Selektivanreicherung im RV-Medium mit gleichzeitiger Anzucht auf dem MSRV und anschließender Anzucht auf dem XLD/OSCM-Nährboden. Es konnten keine Salmonellen bei den untersuchten Beständen nachgewiesen werden.

Als mögliche Koinfektionen wurden bei Vorliegen einer Infektion mit *Ascaridia galli* insbesondere die Bakterien *Enterobacter* sp., *Enterococcus faecium* und *Lactobacillus salivarius* gehäuft differenziert. *Enterococcus faecalis* trat zusammen mit *Capillaria*-Infektionen auf.

Unter den differenzierten Bakterien waren überwiegend sekundär pathogene Infektionserreger zu finden. Nichtsdestotrotz können die untersuchten Hobbyhaltungen bei Nichteinhaltung der entsprechenden Hygienemaßnahmen durch Eintrag der Erreger für benachbarte kommerzielle Geflügelhaltungen ein potentiell Infektionsrisiko darstellen. Zudem gilt es insbesondere bei immunsupprimierten Geflügelhaltern auf Einhaltung einer entsprechenden Hygiene im Umgang mit den Tieren und deren Ausscheidungen zu achten.

VII. SUMMARY

The objective of this study was to determine the prevalence of parasitical and bacterial infectious agents in backyard and exhibition poultry farming as well as in non-commercial breeders of chickens, ducks, goose and other fancy fowl. Also, it was an objective to investigate the possibilities of existing coinfections between those infectious agents and to draw conclusions if there is some risk of infection for intensive commercial poultry farms in the neighbourhood.

61 poultry holders from Bavaria in Germany participated in this study, of which 29 were non-commercial breeders and 32 weren't member in a breeding association and denominated backyard poultry farmers. They sometimes kept more than one fowl stock or separated animal groups, which then were also separately analysed. The poultry owners had to fill out a questionnaire for the determination of some parameters, including feed use, the existence of clinical symptoms or known diseases and prior medical treatments before the beginning of this dissertation project.

The investigation period lasted six weeks in the late summer of 2017. Examination material were fecal samples from two or three subsequent days. The parasitological diagnostics consisted of direct fecal smears and use of the flotation method with differentiation by light microscopy. Eight different groups of parasites were identified. Most common were *Coccidia*, *Capillaria* and *Heterakis* in decreasing order. Additionally, *Ascaridia*, *Amidostomum anseris*, *Cyathostoma bronchialis*, *Cestoda* and *Spirurida* were differentiated. While the degree of parasite infection was slight throughout the whole fecal sample examination, mixed infections with more than one parasite groups were generally observed.

The aim of the bacteriological examinations was the determination of intestinal bacteria. Differentiation of the aerobic and anaerobic cultures was done using matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS). Only when this method was inconclusive, further examination methods like Gram staining, enzyme testings or API® tests were used. Overall, forty different genera of bacteria were identified. On the one hand, many of these genera and the according bacterial species were regarded as part of the natural gut microbiota, but on the other hand they were also opportunistic pathogens for animals and for humans.

For *Salmonella* detection, peptone water was used as pre-enrichment broth, followed by selective enrichment using Rappaport-Vassiliadis broth with simultaneously performed motility enrichment using modified semi-solid Rappaport-Vassiliadis medium. Finally, XLD/OSCM agar was utilized for cultivation. During this study no *Salmonella* were found in the fecal samples of the examined fowl.

Regarding potentially existing coinfections, especially the bacteria *Enterobacter* sp., *Enterococcus faecium* and *Lactobacillus salivarius* concurrent with *Ascaridia galli* were frequently observed. In addition, *Enterococcus faecalis* occurred more often when *Capillaria* was isolated from the stool samples.

The isolated bacteria were mainly opportunistic pathogens. Nevertheless, backyard poultry flocks can be a potential infectious risk for adjacent intensive commercial poultry farms, especially if good hygiene management practices are disregarded with subsequently spread of infectious agents. Furthermore, especially immunocompromised poultry keepers should comply with hygienic standards while handling their animals and being in contact with their excretions.

VIII. RÉSUMÉ

L'objectif de cette thèse de doctorat était le traçage de la prévalence d'agents infectieux parasitaires et bactériens dans des élevages exercés à titre d'activité de loisir et dans des élevages non-commerciaux de volailles. Les animaux examinés étaient les volailles d'ornement et de race. Un autre but de la thèse consistait à déterminer l'existence d'éventuelles coinfections entre les agents infectieux examinés et à tirer des conclusions sur un risque d'infection potentiel pour les élevages de volailles commerciaux avoisinants.

61 éleveurs de volailles en Bavière en Allemagne ont participé à cette étude. Ces participants étaient subdivisés en 29 éleveurs non-commerciaux et en 32 personnes ne faisant pas partie d'une association d'éleveurs, donc désignés comme éleveurs amateurs. S'ils étaient propriétaires de plusieurs populations d'animaux ou de populations divisées en plusieurs groupes et gardées à des endroits différents, celles-ci ont été examinées séparément par la suite. Pour la collecte de facteurs potentiellement influents, comme la nourriture proposée, l'existence de symptômes cliniques ou de maladies déjà diagnostiquées et éventuellement traitées au préalable, les participants recevaient un questionnaire à remplir.

La période d'analyse s'est déroulée sur six semaines vers la fin de l'été en 2017. Des selles collectées pendant deux ou trois jours consécutifs ont été analysées. L'examen direct et l'enrichissement par flottaison étaient utilisés comme examens de parasitologie. Au moyen de la microscopie, huit différents groupes d'endoparasites étaient ensuite détectés dont *Coccidia*, *Capillaria* et *Héterakis* étaient, en ordre décroissant, les plus nombreux. De plus, *Ascaridia*, *Amidostomum anseris*, *Cyathostoma bronchialis*, *Cestoda* et *Spirurida* étaient détectés. L'intensité de l'infestation parasitaire était modeste la plupart du temps, quoiqu'un mélange d'au moins deux différents groupes d'endoparasites était fréquemment observé.

Les études bactériologiques servaient à la détermination des bactéries présentes dans le tract gastrointestinal. La différenciation des cultures aérobies et anaérobies a été effectuée à l'aide d'un spectromètre de masse. Si la spectrométrie de masse ne donnait pas de résultat suffisant, d'autres méthodes comme la coloration de Gram, des tests enzymatiques ou l'utilisation de bandelettes de test API® ont été appliqués. En tout, 40 différents genres bactériens étaient identifiés. D'une part, la grande partie de ces genres avec les espèces respectives faisait partie du microbiome intestinal, mais d'autre part il s'agissait aussi d'agents infectieux opportunistes avec une pathogénicité potentielle aussi bien pour les animaux que pour les humains.

Pour la recherche de *Salmonella*, le pré-enrichissement était réalisé dans de l'Eau Peptonée. Ensuite, un bouillon de Rappaport-Vassiliadis et un milieu gélosé modifié de Rappaport-Vassiliadis servaient comme enrichissement sélectif. L'isolement sélectif était réalisé sur les milieux gélosés XLD et OSCM. Parmi les populations de volailles examinées, aucune *Salmonella* n'a pu être détecté.

En ce qui concerne les coinfections potentielles, dans le cas d'une infection à l'endoparasite *Ascaridia galli*, les bactéries *Enterobacter* sp., *Enterococcus faecium* et *Lactobacillus*

salivarius étaient distinguées plus fréquemment, de même que la bactérie *Enterococcus faecalis* apparaissait plus souvent dans le cas des infections de *Capillaria*.

Parmi les bactéries isolées, les agents pathogènes secondaires étaient prédominants. Néanmoins, les élevages non-commerciaux de volailles peuvent présenter un risque d'infection potentiel pour les élevages avicoles commerciaux avoisinants, surtout en cas de non-respect des mesures d'hygiène adéquates. Par ailleurs, surtout pour les propriétaires de volailles immunosupprimés, il importe de veiller au respect des mesures d'hygiène dans les rapports avec les animaux et leurs excréments.

IX. ZESUMMEFAASSUNG

Déi virleidend Dokteraarbecht hat als Zil, d'Prevalenz vu parasiteschen an bakteriellen Infektiounserreger aus Hobbybestänn an net-kommerziellen Ziichterbestänn vun Zier- a Rassegefligel ze bestëmmen. Ausserdeem sollte méiglech Koinfektionen ermëttelt ginn a wa méiglech Réckschlëss op ee potentiellt Infektiounsrisiko fir kommerziell Geflügelbestänn am noen Ëmkrees gezu ginn.

Un dëser Studie hunn 61 Geflügelbesëtzer aus Bayern an Däitschland deelgeholl. Bei 29 Participanten huet et sech ëm net-kommerziell Ziichter gehandelt, während 32 Geflügelbesëtzer kengem Zuuchtveräin ugehéiert hunn an als Hobbybesëtzer bezeechent goufen. Wann Si méi Bestänn gehalen hunn, respektiv separat gehalen Déieregruppen haten, sinn déi uschlëssend och eenzel ënnersicht ginn. Fir am Virfeld e puer Parameter ze erfaassen, wéi zum Beispill dat agesate Fudder, d'Virleie vu klimeschen Symptomer oder schonn diagnostizéierte Krankheeten mat eventuellem Medikamentenasaatz, hunn Studiendeelhueler ee Froebou fir auszufëllen kritt.

Während sechs Wochen am spéide Summer 2017 si Sammelkackprouwen op Bestandsebene ënnersicht ginn. Bei den duerchgefouerten parasiteschen Ënnersichungen, déi aus engem direkten Ausstréch an enger Flotatioun mat a béide Fäll uschlëssender Liichtmikroskopie bestanen hunn, sinn insgesamt aacht verschidden Parasittengruppe fonnt ginn. Déi dräi heefegst waren an ofsteigender Reiefolleg *Coccidia*, *Capillaria* an *Heterakis*. Ausserdeem sinn nach *Ascaridia*, *Amidostomum anseris*, *Cyathostoma bronchialis*, *Cestoda* a *Spirurida* diagnostizéiert ginn. An de Kackprouwen si geréng Quantitéiten vun Endoparasitte fonnt ginn, dofir waren allerdéngs Mëschinfektionen, also Infektione mat mindestens zwou Parasittengruppen, d'Reegel.

D'bakteriologesch Ënnersichungen haten d'Bestëmmung vun am Daarm virkommende Bakterien zum Zil. No den aeroben an anaeroben Unziichtungen vum Proufmateriel ass déi uschlëssend Differenzéierung méttels Massespektrometrie duerchgefouert ginn. Wann dës keen eendeitegt Resultat geliwwert huet, si weider Methoden, wéi d'Ufäerdege vu Grampräparater, Tester méttels Enzymer oder d'Benotze vun den sougenannten API®-Testsystemer zum Asaz komm. Alles an allem si 40 verschidden Bakteriegattungen diagnostizéiert ginn. Eng Villzuel vun dëse Gattungen mat den jeeweilege Spezies sinn engersäits Deel vum normalen Daarmmikrobiom, anerersäits handelt et sech awer och ëm opportunistesch Infektiounserreger, déi esouwuel fir Déieren, awer och fir de Mësch ee gewëssent Pathogenitéitspotenzial besëtzen.

D'Salmonellen-Uräicherung ass mat enger Viruräicherung an Peptonwaasser, enger uschlëssender Selektivuräicherung am Rappaport-Vassiliadis Medium mat gläichzäiteger Unziichtung op modifiziertem halleffestem RV an am leschte Schrëtt mat Unziichtung op XLD/OSCM-Selektivnährbuedem duerchgefouert ginn. Bei den ënnersichte Bestänn konnte keng Salmonellen nogewise ginn.

Als méiglech Koinfektionen si beim Virleie vun enger Infektoun mat *Ascaridia galli* virun allem d'Bakterien *Enterobacter* sp., *Enterococcus faecium* a *Lactobacillus salivarius* méi

heefeg differenzéiert ginn. *Enterococcus faecalis* ass méi heefeg zesummen mat *Capillaria*-Infektiounen opgetrueden.

Ënnert den differenzéierte Bakterien waren gréisstendeels sekundär pathogen Infektiounserreger ze fannen. Trotzdem kënnen Hobbybestänn beim Net-Anhale vun den entspriechenden Hygiënemoossname mam Erandroen vun Erreger ee potentiellt Infektiounsrisiko fir an der Noperschaft geleeën, kommerziell Geflügelbestänn duerstellen. Ausserdeem gëllt et besonnesch fir immunsuppriméiert Geflügelbesëtzer op d'Anhale vun enger entspriechender Hygiène am Ëmgang mat den Déieren an hiren Ausscheidungen opzepassen.

X. LITERATURVERZEICHNIS

- AARESTRUP, F. M., AGERSØ, Y., AHRENS, P., JØRGENSEN, J. C. Ø., MADSEN, M., JENSEN, L. B. (2000): Antimicrobial susceptibility and presence of resistance genes in staphylococci from poultry. *Veterinary Microbiology* 74, 4, 353-364.
- AARESTRUP, F. M., AGERSØ, Y., GERNER-SMIDT, P., MADSEN, M., JENSEN, L. B. (2000): Comparison of antimicrobial resistance phenotypes and resistance genes in *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* from humans in the community, broilers, and pigs in Denmark. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease* 37, 2, 127-137.
- ABBAS, R. Z., IQBAL, Z., BLAKE, D., KHAN, M. N., SALEEMI, M. K. (2011): Anticoccidial drug resistance in fowl coccidia: the state of play revisited. *World's Poultry Science Journal* 67, 2, 337-350.
- ABO-AMER, A. E., SHOBRAK, M. Y. (2015): Isolation and molecular characterization of multidrug-resistant *Salmonella*, *Shigella* and *Proteus* from domestic birds. *The Thai Journal of Veterinary Medicine* 45, 1, 23-34.
- AGGREY, S. E., KARNUAH, A. B., SEBASTIAN, B., ANTHONY, N. B. (2010): Genetic properties of feed efficiency parameters in meat-type chickens. *Genetics Selection Evolution* 42, 1, 25-30.
- AHMED, I., YOKOTA, A., YAMAZOE, A., FUJIWARA, T. (2007): Proposal of *Lysinibacillus boronitolerans* gen. nov. sp. nov., and transfer of *Bacillus fusiformis* to *Lysinibacillus fusiformis* comb. nov. and *Bacillus sphaericus* to *Lysinibacillus sphaericus* comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 57, 5, 1117-1125.
- AISENBERG, G., ROLSTON, K. V., SAFDAR, A. (2004): Bacteremia caused by *Achromobacter* and *Alcaligenes* species in 46 patients with cancer (1989–2003). *Cancer* 101, 9, 2134-2140.
- AL-SHEIKHLY, F., AL-SAIEG, A. (1980): Role of coccidia in the occurrence of necrotic enteritis of chickens. *Avian Diseases* 24, 2, 324-333.
- AL-TAEE, A. F., MOHAMMED, R. G., MOHAMMED, N. H. (2011): Diagnosis of some helminthic eggs in faeces of ducks and geese in Ninevah governorate, Iraq. *Iraqi Journal of Veterinary Sciences* 25, 1, 5-10.
- ALBERT, R. A., ARCHAMBAULT, J., LEMPA, M., HURST, B., RICHARDSON, C., GRUENLOH, S., DURAN, M., WORLICZEK, H. L., HUBER, B. E., ROSSELLÓ-MORA, R., SCHUMANN, P., BUSSE, H.-J. (2007): Proposal of *Viridibacillus* gen. nov. and reclassification of *Bacillus arvi*, *Bacillus arenosi* and *Bacillus neidei* as *Viridibacillus arvi* gen. nov., comb. nov., *Viridibacillus arenosi* comb. nov. and *Viridibacillus neidei* comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 57, 12, 2729-2737.
- AMERAH, A. M., RAVINDRAN, V., LENTLE, R. G., THOMAS, D. G. (2007): Feed particle size: Implications on the digestion and performance of poultry. *World's Poultry Science Journal* 63, 3, 439-455.
- ANAH, S. A. (2017): Study comparison for haematological and biochemical changes in Ducks infected with *Amidostomum anseris*. *Al-Qadisiyah Journal of Pure Science* 17, 2, 9-14.

- ANDERSON, D. A. (1992): The 1990-1991 *Salmonella pullorum* outbreak: overview and evaluation. *Animal Health Insight*.
- ANDERSON, R. C. (1988): Nematode transmission patterns. *The Journal of Parasitology* 74, 1, 30-45.
- ANONYMOUS (2008): microflex™ User Manual (1.2 ed.): Bruker Daltonik GmbH.
- ANONYMOUS (2012a): Bruker Guide to MALDI Sample Preparation: Bruker Daltonik GmbH.
- ANONYMOUS (2012b): MALDI Biotyper 3.1 User Manual: Bruker Daltonik GmbH.
- APAJALAHTI, J. H., KETTUNEN, A., BEDFORD, M. R., HOLBEN, W. E. (2001): Percent G + C profiling accurately reveals diet-related differences in the gastrointestinal microbial community of broiler chickens. *Applied and Environmental Microbiology* 67, 12, 5656-5667.
- ARCHER, G. L., CLIMO, M. W. (1994): Antimicrobial susceptibility of coagulase-negative staphylococci. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 38, 10, 2231.
- ARTHUR, M., COURVALIN, P. (1993): Genetics and mechanisms of glycopeptide resistance in enterococci. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 37, 8, 1563.
- AWAN, M. A., MATSUMOTO, M. (1998): Heterogeneity of staphylococci and other bacteria isolated from six-week-old broiler chickens. *Poultry Science* 77, 7, 944-949.
- BAELE, M., DEVRIESE, L. A., BUTAYE, P., HAESBROUCK, F. (2002): Composition of enterococcal and streptococcal flora from pigeon intestines. *Journal of Applied Microbiology* 92, 2, 348-351.
- BAGER, F., AARESTRUP, F. M., MADSEN, M., WEGENER, H. C. (1999): Glycopeptide resistance in *Enterococcus faecium* from broilers and pigs following discontinued use of avoparcin. *Microbial Drug Resistance* 5, 1, 53-56.
- BANNERMAN, T. L. (2003): *Staphylococcus*, *Micrococcus*, and other catalase-positive cocci that grow aerobically. In P. R. Murray, E. J. Baron, J. H. Jorgensen, M. A. Pfaller & R. H. Tenover (Hrsg.): *Manual of Clinical Microbiology* (Vol. 8, 384–404). Washington, D. C. ASM Press.
- BARUAH, K. K., SHARMA, P. K., BORA, N. N. (2001): Fertility, hatchability and embryonic mortality in ducks. *Indian Veterinary Journal* 78, 6, 529-530.
- BARUS, V., MIKOÁSEK, A., BUSTA, J. (1977): Influence of breeding technology of helminth fauna of geese (*Anser anser f. domestica*). *Folia Parasitologica* 24, 4, 305-314.
- BAUER, C. (2006): Helminthosen des Nutzgeflügels. In T. Schnieder, J. Boch & R. Supperer (Hrsg.): *Veterinärmedizinische Parasitologie* (Vol. 6). Parey.
- BEAM, A., GARBER, L., SAKUGAWA, J., KOPRAL, C. (2013): *Salmonella* awareness and related management practices in US urban backyard chicken flocks. *Preventive Veterinary Medicine* 110, 3-4, 481-488.
- BEAVIS, R. C., CHAIT, B. T., FALES, H. M. (1989): Cinnamic acid derivatives as matrices for ultraviolet laser desorption mass spectrometry of proteins. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 3, 12, 432-435.

- BECK, W., PANTCHEV, N. (2014): Parasitosen der Vögel Praktische Parasitologie bei Heimtieren: Kleinsäuger - Vögel - Reptilien - Bienen (Vol. 2, 173-237). Schlütersche Verlagsgesellschaft mbH & Company KG.
- BECKERS, H. J., ROBERTS, D., PIETZSCH, O., VAN SCHOTHORST, M., VASSILIADIS, P., KAMPELMACHER, E. H. (1987): Replacement of Muller-Kauffmann's tetrathionate brilliant green bile broth by Rappaport-Vassiliadis' magnesium chloride malachite green broth in the standard method for the detection of salmonellae. *International Journal of Food Microbiology* 4, 1, 59-64.
- BEHNKE, M., HANSEN, S., LEISTNER, R., PEÑA DIAZ, L. A., GROPMANN, A., SOHR, D., GASTMEIER, P., PIENING, B. (2013): Nosokomiale Infektionen und Antibiotika-Anwendung (Zweite nationale Prävalenzstudie in Deutschland). *Deutsches Ärzteblatt* 110, 38, 627-633.
- BEHRAVESH, C. B., BRINSON, D., HOPKINS, B. A., GOMEZ, T. M. (2014): Backyard poultry flocks and salmonellosis: a recurring, yet preventable public health challenge. *Clinical Infectious Diseases* 58, 10, 1432-1438.
- BENAGLI, C., ROSSI, V., DOLINA, M., TONOLLA, M., PETRINI, O. (2011): Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry for the identification of clinically relevant bacteria. *PLoS ONE* 6, 1, e16424.
- BENEDETTI, P., RASSU, M., PAVAN, G., SEFTON, A., PELLIZZER, G. (2011): Septic shock, pneumonia, and soft tissue infection due to *Myroides odoratimimus*: report of a case and review of *Myroides* infections. *Infection* 39, 2, 161-165.
- BER, A. K., BHATTACHARYA, D., PAN, D., DHARA, A., KUMAR, S., DAS, S. K. (2010): Evaluation of economic losses due to coccidiosis in poultry industry in India. *Agricultural Economics Research Review* 23, 1, 91-96.
- BERRY, C. (2012): The bacterium, *Lysinibacillus sphaericus*, as an insect pathogen. *Journal of Invertebrate Pathology* 109, 1, 1-10.
- BIZZINI, A., GREUB, G. (2010): Matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry, a revolution in clinical microbial identification. *Clinical Microbiology and Infection* 16, 11, 1614-1619.
- BIZZINI, A., JATON, K., ROMO, D., BILLE, J., PROD'HOM, G., GREUB, G. (2011): Matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry as an alternative to 16S rRNA gene sequencing for identification of difficult-to-identify bacterial strains. *Journal of Clinical Microbiology* 49, 2, 693-696.
- BOERLIN, P., NICHOLSON, V., BRASH, M., SLAVIC, D., BOYEN, F., SANEI, B., BUTAYE, P. (2012): Diversity of *Enterococcus cecorum* from chickens. *Veterinary Microbiology* 157, 3, 405-411.
- BÖHM, R. (1998): Disinfection and hygiene in the veterinary field and disinfection of animal houses and transport vehicles. *International Biodeterioration & Biodegradation* 41, 3, 217-224.
- BOWMAN, J. P., CAVANAGH, J., AUSTIN, J. J., SANDERSON, K. (1996): Novel *Psychrobacter* species from Antarctic ornithogenic soils. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 46, 4, 841-848.

- CARDONA, C. J., BICKFORD, A. A., CHARLTON, B. R., COOPER, G. L. (1993): *Enterococcus durans* infection in young chickens associated with bacteremia and encephalomalacia. *Avian Diseases* 37, 1, 234-239.
- CASE, A. A. (1939). *Studies on the bionomics of the fowl cestode Raillietina cesticillus (Molin)*. Kansas State College of Agriculture and Applied Science.
- CHAN, J. F. W., WOO, P. C. Y., TENG, J. L. L., LAU, S. K. P., LEUNG, S. S. M., TAM, F. C. C., YUEN, K.-Y. (2011): Primary infective spondylodiscitis caused by *Lactococcus garvieae* and a review of human *L. garvieae* infections. *Infection* 39, 3, 259-264.
- CHERKAoui, A., HIBBS, J., EMONET, S., TANGOMO, M., GIRARD, M., FRANCOIS, P., SCHRENZEL, J. (2010): Comparison of Two Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization-Time of Flight Mass Spectrometry Methods with Conventional Phenotypic Identification for Routine Identification of Bacteria to the Species Level. *Journal of Clinical Microbiology* 48, 4, 1169-1175.
- CHRISTENSEN, J. P., SKOV, M. N., HINZ, K. H., BISGAARD, M. (1994): *Salmonella enterica* serovar Gallinarum biovar gallinarum in layers: epidemiological investigations of a recent outbreak in Denmark. *Avian Pathology* 23, 3, 489-501.
- CHU, V. H., CABELL, C. H., ABRUTYN, E., COREY, G. R., HOEN, B., MIRO, J. M., OLAISON, L., STRYJEWSKI, M. E., PAPPAS, P., ANSTROM, K. J. (2004): Native valve endocarditis due to coagulase-negative staphylococci: report of 99 episodes from the International Collaboration on Endocarditis Merged Database. *Clinical infectious diseases* 39, 10, 1527-1530.
- CLARK, A. E., KALETA, E. J., ARORA, A., WOLK, D. M. (2013): Matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry: a fundamental shift in the routine practice of clinical microbiology. *Clinical Microbiology Reviews* 26, 3, 547-603.
- CLARK, S., KIMMINAU, E. (2017): Critical review: Future control of blackhead disease (histomoniasis) in poultry. *Avian Diseases* 61, 3, 281-288.
- CLINCHY, M., BARKER, I. K. (1994): Dynamics of parasitic infections at four sites within Lesser Snow Geese (*Chen caerulescens caerulescens*) from the Breeding Colony at La Pérouse Bay, Manitoba, Canada. *The Journal of Parasitology* 80, 4, 663-666.
- COLLIER, C. T., HOFACRE, C. L., PAYNE, A. M., ANDERSON, D. B., KAISER, P., MACKIE, R. I., GASKINS, H. R. (2008): Coccidia-induced mucogenesis promotes the onset of necrotic enteritis by supporting *Clostridium perfringens* growth. *Veterinary Immunology and Immunopathology* 122, 1-2, 104-115.
- COLLINS, M. D. (2006): The Genus *Brevibacterium*. In M. Dworkin, S. Falkow, E. Rosenberg, K.-H. Schleifer & E. Stackebrandt (Hrsg.): *The Prokaryotes: Volume 3: Archaea. Bacteria: Firmicutes, Actinomycetes* (1013-1019). New York, NY. Springer New York.
- COLLINS, M. D., FARROW, J. A. E., JONES, D. (1986): *Enterococcus mundtii* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 36, 1, 8-12.
- COOK, F. V., FARRAR, W. E. (1978): Vancomycin revisited. *Annals of Internal Medicine* 88, 6, 813-818.
- COTTER, R. J., RUSSELL, D. H. (1998): Time-of-Flight Mass Spectrometry: Instrumentation and Applications in Biological Research. *Journal of the American Society for Mass Spectrometry* 9, 10, 1104-1105.

- CRAVEN, S. E., STERN, N. J., LINE, E., BAILEY, J. S., COX, N. A., FEDORKA-CRAY, P. (2000): Determination of the incidence of *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni*, and *Clostridium perfringens* in wild birds near broiler chicken houses by sampling intestinal droppings. *Avian diseases* 44, 3, 715-720.
- CROXATTO, A., PROD'HOM, G., GREUB, G. (2012): Applications of MALDI-TOF mass spectrometry in clinical diagnostic microbiology. *Federation of European Microbiological Societies Microbiology Review* 36, 2, 380-407.
- DAHIRU, M., ENABULELE, O. (2015): *Acinetobacter baumannii* in birds' feces: A public health threat to vegetables and irrigation farmers. *Advances in Microbiology* 5, 10, 693.
- DAHL, C., PERMIN, A., CHRISTENSEN, J., BISGAARD, M., MUHAIRWA, A. P., PETERSEN, K. M. D., POULSEN, J. S. D., JENSEN, A. L. (2002): The effect of concurrent infections with *Pasteurella multocida* and *Ascaridia galli* on free range chickens. *Veterinary Microbiology* 86, 4, 313-324.
- DAVELAAR, F. G., SMIT, H. F., HOVIND-HOUGEN, K., DWARS, R. M., VANDERVALK, P. C. (1986): Infectious typhlitis in chickens caused by spirochetes. *Avian Pathology* 15, 2, 247-258.
- DAVIES, R. H., WRAY, C. (1995): Mice as carriers of *Salmonella enteritidis* on persistently infected poultry units. *Veterinary Record* 137, 14, 337-341.
- DE JONG, E., DE JONG, A. S., SMIDTS-VAN DEN BERG, N., RENTENAAR, R. J. (2013): Differentiation of *Raoultella ornithinolytica/planticola* and *Klebsiella oxytoca* clinical isolates by matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry. *Diagnostic Microbiology and Infectious Diseases* 75, 431-433.
- DE MEDICI, D., PEZZOTTI, G., MARFOGLIA, C., CACIOLO, D., FOSCHI, G., OREFICE, L. (1998): Comparison between ICS-Vidas, MSRV and standard cultural method for *Salmonella* recovery in poultry meat. *International Journal of Food Microbiology* 45, 3, 205-210.
- DE SMEDT, J. M., BOLDERDIJK, R. F. (1987): Dynamics of *Salmonella* isolation with modified semi-solid Rappaport-Vassiliadis medium. *Journal of Food Protection* 50, 8, 658-661.
- DEGAND, N., CARBONNELLE, E., DAUPHIN, B., BERETTI, J.-L., LE BOURGEOIS, M., SERMET-GAUDELUS, I., SEGONDS, C., BERCHE, P., NASSIF, X., FERRONI, A. (2008): Matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry for identification of nonfermenting gram-negative bacilli isolated from cystic fibrosis patients. *Journal of Clinical Microbiology* 46, 10, 3361-3367.
- DEPLAZES, P., ECKERT, J., VON SAMSON-HIMMELSTJERNA, G., ZAHNER, H. (2012): *Lehrbuch der Parasitologie für die Tiermedizin* (Vol. 3). Georg Thieme Verlag.
- DEVRIESE, L. A., CEYSSENS, K., RODRIGUES, U. M., COLLINS, M. D. (1990a): *Enterococcus columbae*, a species from pigeon intestines. *FEMS Microbiology Letters* 59, 3, 247-251.
- DEVRIESE, L. A., CEYSSENS, K., RODRIGUES, U. M., COLLINS, M. D. (1990b): *Enterococcus columbae*, a species from pigeon intestines. *FEMS Microbiology Letters* 71, 3, 247-251.
- DEVRIESE, L. A., DUCATELLE, R., UYTTEBROEK, E., HAESEBROUCK, F. (1991, Octobre): *Enterococcus hirae* infection and focal necrosis of the brain of chicks. *Veterinary Record* 129, 14.

- DEVRIESE, L. A., HOMMEZ, J., WIJFELS, R., HAESBROUCK, F. (1991, July): Composition of the enterococcal and streptococcal intestinal flora of poultry. *Journal of Applied Bacteriology* 71, 1, 46-50.
- DOMERMUTH, C. H., GROSS, W. B. (1969): A medium for isolation and tentative identification of fecal streptococci, and their role as avian pathogens. *Avian Diseases* 13, 2, 394-399.
- DRANCOURT, M., BOLLET, C., CARTA, A., ROUSSELIER, P. (2001): Phylogenetic analyses of *Klebsiella* species delineate *Klebsiella* and *Raoultella* gen. nov., with description of *Raoultella ornithinolytica* comb. nov., *Raoultella terrigena* comb. nov. and *Raoultella planticola* comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 51, 3, 925-932.
- DWARS, R. M., SMIT, H. F., DAVELAAR, F. G., VEER, W. V. (1989): Incidence of spirochaetal infections in cases of intestinal disorder in chickens. *Avian Pathology* 18, 4, 591-595.
- DZIVA, F., MUHAIRWA, A., BISGAARD, M., CHRISTENSEN, H. (2008): Diagnostic and typing options for investigating diseases associated with *Pasteurella multocida*. *Veterinary Microbiology* 128, 1-22.
- EDGAR, S. A. (1955): Sporulation of oocysts at specific temperatures and notes on the prepatent period of several species of avian coccidia. *The Journal of Parasitology* 41, 2, 214-216.
- EHLING-SCHULZ, M., GUINEBRETIERE, M.-H., MONTHÁN, A., BERGE, O., FRICKER, M., SVENSSON, B. (2006): Toxin gene profiling of enterotoxic and emetic *Bacillus cereus*. *FEMS Microbiology Letters* 260, 2, 232-240.
- EIGAARD, N. M., SCHOU, T. W., PERMIN, A., CHRISTENSEN, J. P., EKSTRØM, C. T., AMBROSINI, F., CIANCI, D., BISGAARD, M. (2006): Infection and excretion of *Salmonella* Enteritidis in two different chicken lines with concurrent *Ascaridia galli* infection. *Avian Pathology* 35, 6, 487-493.
- EL-TARABANY, M. S. (2016): Impact of temperature-humidity index on egg-laying characteristics and related stress and immunity parameters of Japanese quails. *International Journal of Biometeorology* 60, 7, 957-964.
- EL-TARABANY, M. S. (2016): Impact of cage stocking density on egg laying characteristics and related stress and immunity parameters of Japanese quails in subtropics. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition* 100, 5, 893-901.
- ENIGK, K., STICINSKY, E. (1958): Die intravitale Diagnose des Bandwurmbefalles beim Huhn. *Archiv Geflügelkunde* 22, 149-156.
- ESCHBACH, M., MÖBITZ, H., ROMPF, A., JAHN, D. (2003): Members of the genus *Arthrobacter* grow anaerobically using nitrate ammonification and fermentative processes: anaerobic adaptation of aerobic bacteria abundant in soil. *FEMS Microbiology Letters* 223, 2, 227-230.
- FACKLAM, R. (2002): What happened to the streptococci: overview of taxonomic and nomenclature changes. *Clinical Microbiology Reviews* 15, 4, 613-630.
- FACKLAM, R., ELLIOTT, J. A. (1995): Identification, classification, and clinical relevance of catalase-negative, gram-positive cocci, excluding the streptococci and enterococci. *Clinical Microbiology Reviews* 8, 4, 479-495.

- FALLACARA, D. M., MONAHAN, C. M., MORISHITA, T. Y., BREMER, C. A., WACK, R. F. (2004): Survey of parasites and bacterial pathogens from free-living waterfowl in zoological settings. *Avian Diseases* 48, 4, 759-767.
- FAUST, E. C., SAWITZ, W., TOBIE, J., ODOM, V., PERES, C., LINCICOME, D. R. (1939): Comparative efficiency of various technics for the diagnosis of protozoa and helminths in feces. *The Journal of Parasitology* 25, 3, 241-262.
- FERNANDO, M. A., HOOVER, I. J., OGUNGBADE, S. G. (1973): The migration and development of *Cyathostoma bronchialis* in geese. *The Journal of Parasitology* 59, 5, 759-764.
- FINES, M., PERICHON, B., REYNOLDS, P., SAHM, D. F., COURVALIN, P. (1999): *VanE*, a new type of acquired glycopeptide resistance in *Enterococcus faecalis* BM4405. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 43, 9, 2161-2164.
- FRANK, K. L., DEL POZO, J. L., PATEL, R. (2008): From clinical microbiology to infection pathogenesis: how daring to be different works for *Staphylococcus lugdunensis*. *Clinical Microbiology Reviews* 21, 1, 111-133.
- FUNKE, G., CARLOTTI, A. (1994): Differentiation of *Brevibacterium* spp. encountered in clinical specimens. *Journal of Clinical Microbiology* 32, 7, 1729-1732.
- FUNKE, G., HUTSON, R. A., BERNARD, K. A., PFYFFER, G. E., WAUTERS, G., COLLINS, M. D. (1996): Isolation of *Arthrobacter* spp. from clinical specimens and description of *Arthrobacter cumminsii* sp. nov. and *Arthrobacter woluwensis* sp. nov. *Journal of Clinical Microbiology* 34, 10, 2356-2363.
- GAJADHAR, A. A., WOBESER, G., STOCKDALE, P. H. G. (1983): Coccidia of domestic and wild waterfowl (*Anseriformes*). *Canadian Journal of Zoology* 61, 1, 1-24.
- GAULY, M., BAUER, C., PREISINGER, R., ERHARDT, G. (2002): Genetic differences of *Ascaridia galli* egg output in laying hens following a single dose infection. *Veterinary Parasitology* 103, 1, 99-107.
- GEISEL, R., SCHMITZ, F. J., DETTENKOFER, M. (2006): Multiresistente Erreger (MRSA und VRE) sowie andere nosokomiale Problemkeime. In F. Daschner, M. Dettenkofer, U. Frank & M. Scherrer (Hrsg.): *Praktische Krankenhaushygiene und Umweltschutz* (174-187). Berlin, Heidelberg. Springer Berlin Heidelberg.
- GHAZI, A. M., AMER, M. M. (2014): Role of some wild birds in transmission of bacterial pathogens of zoonotic importance and poultry health and production. *Veterinary Medical Journal–Giza (VMJG)* 60, 2, 49-62.
- GIANNENAS, I., FLOROU-PANERI, P., PAPAZAHARIADOU, M., CHRISTAKI, E., BOTSOGLOU, N. A., SPAIS, A. B. (2003): Effect of dietary supplementation with oregano essential oil on performance of broilers after experimental infection with *Eimeria tenella*. *Archiv of Animal Nutrition* 57, 2, 99-106.
- GICIK, Y., ARSLAN, M. Ö. (2003): The prevalence of helminths in the alimentary tract of geese (*Anser anser domesticus*) in Kars District, Turkey. *Veterinary Research Communications* 27, 5, 391-395.
- GLOBOKAR, M., FISCHER, D., PANTCHEV, N. (2017): Occurrence of endoparasites in captive birds between 2005 to 2011 as determined by faecal flotation and review of literature. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 130 11/12, 461-473.

- GOMIS, S., DIDIUK, A. B., NEUFELD, J., WOBESER, G. (1996): Renal coccidiosis and other parasitologic conditions in lesser snow goose goslings at Tha-anne River, west coast Hudson Bay. *Journal of Wildlife Diseases* 32, 3, 498-504.
- GOYACHE, J., VELA, A. I., GIBELLO, A., BLANCO, M. M., BRIONES, V., GONZÁLEZ, S., TÉLLEZ, S., BALLESTEROS, C., DOMÍNGUEZ, L., FERNÁNDEZ-GARAYZÁBAL, J. F. (2001): *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* infection in waterfowl: first confirmation in animals. *Emerging Infectious Diseases* 7, 5, 884-886.
- GRIFFITHS, H. J., LEARY, R. M., FENSTERMACHER, R. (1954): A new record for gapeworm (*Cyathostoma bronchialis*) infection of domestic geese in North America. *American Journal of Veterinary Research* 15, 55, 298-299.
- GROSS, W. B., DOMERMUTH, C. H. (1962): Bacterial endocarditis of poultry. *American Journal of Veterinary Research* 23, 320-329.
- GRUBER, A., PEREIRA, C. A. D. B., COSTA, L. D. F., CASTAÑÓN, C. A. B. (2007). COCCIMORPH - A System for Automatic Diagnosis of Coccidia through Morphological Analysis. Retrieved 13/01/2018, 2018, from <http://www.bioinfectiv.icb.usp.br/coccisite/tutorials/>
- GUERRA, B., FISCHER, J., HELMUTH, R. (2014): An emerging public health problem: acquired carbapenemase-producing microorganisms are present in food-producing animals, their environment, companion animals and wild birds. *Veterinary Microbiology* 171, 3, 290-297.
- GÜNTARD, H., PENNEKAMP, A. (1996): Clinical significance of extraintestinal *Hafnia alvei* isolates from 61 patients and review of the literature. *Clinical Infectious Diseases* 22, 6, 1040-1045.
- GUTBERLET, J. E. (1916): Morphology of adult and larval cestodes from poultry. *Transactions of the American Microscopical Society* 35, 1, 23-44.
- HAMMERUM, A. M. (2012): Enterococci of animal origin and their significance for public health. *Clinical Microbiology and Infection* 18, 7, 619-625.
- HARVEY, S. M., STURGEON, J., DASSEY, D. E. (2002): Botulism due to *Clostridium baratii* type F toxin. *Journal of Clinical Microbiology* 40, 6, 2260-2262.
- HARWOOD, V. J., BROWNELL, M., PERUSEK, W., WHITLOCK, J. E. (2001): Vancomycin-resistant *Enterococcus* spp. isolated from wastewater and chicken feces in the United States. *Applied and Environmental Microbiology* 67, 10, 4930-4933.
- HAUCK, R. (2017): Interactions between parasites and the bacterial microbiota of chickens. *Avian Diseases* 61, 4, 428-436.
- HAYES, J. R., ENGLISH, L. L., CARR, L. E., WAGNER, D. D., JOSEPH, S. W. (2004): Multiple-antibiotic resistance of *Enterococcus* spp. isolated from commercial poultry production environments. *Applied and Environmental Microbiology* 70, 10, 6005-6011.
- HECHINGER, R. F., LAFFERTY, K. D. (2005): Host diversity begets parasite diversity: bird final hosts and trematodes in snail intermediate hosts. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 272, 1567, 1059-1066.
- HENDRIE, M. S., HOLDING, A. J., SHEWAN, J. M. (1974): Emended descriptions of the genus *Alcaligenes* and of *Alcaligenes faecalis* and proposal that the generic name *Achromobacter* be rejected: status of the named species of *Alcaligenes* and

- Achromobacter*: request for an opinion. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 24, 4, 534-550.
- HERDT, P. D., DEFOORT, P., STEELANT, J. V., SWAM, H., TANGHE, L., GOETHEM, S. V., VANROBAEYS, M. (2009): *Enterococcus cecorum* osteomyelitis and arthritis in broiler chickens. Vlaams Diergeneeskundig Tijdschrift 78, 1, 44-48.
- HEYRMAN, J., RODRÍGUEZ-DÍAZ, M., DEVOS, J., FELSKE, A., LOGAN, N. A., DE VOS, P. (2005): *Bacillus arenosi* sp. nov., *Bacillus arvi* sp. nov. and *Bacillus humi* sp. nov., isolated from soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 55, 1, 111-117.
- HINZ, K.-H., BEHR, K.-P. (2014): Bakterien. In O. Siegmann & U. Neumann (Hrsg.): Kompendium der Geflügelkrankheiten (Vol. 7). Schlütersche Verlagsgesellschaft mbH & Company KG.
- HINZ, K.-H., JANSSEN, W., POPPEL, M. (1989): *Salmonella gallinarum*-Biovar *gallinarum* als Ursache einer hochakut-septikämischen Erkrankung bei adulten Legehennen in Batterie-Käfig-Haltung. Deutsche Tierärztliche Wochenschrift 96, 421-423.
- HOOP, R. K., ALBICKER-RIPPINGER, P. (1997): Die *Salmonella gallinarum-pullorum*-Infektion des Huhnes: Erfahrungen in der Schweiz. Schweizer Archiv für Tierheilkunde 139, 11, 485-489.
- HOU, X.-G., KAWAMURA, Y., SULTANA, F., SHU, S., HIROSE, K., GOTO, K., EZAKI, T. (1998): Description of *Arthrobacter creatinolyticus* sp. nov., isolated from human urine. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 48, 2, 423-429.
- HUEBNER, J., GOLDMANN, D. A. (1999): Coagulase-negative staphylococci: Role as pathogens. Annual Review of Medicine 50, 223-236.
- HUYS, G., LEISNER, J., BJÖRKROTH, J. (2011): The Lesser LAB Gods: *Pediococcus*, *Leuconostoc*, *Weissella*, *Carnobacterium*, and Affiliated Genera. In S. Lahtinen, A. C. Ouwehand, S. Salminen & A. von Wright (Hrsg.): Lactic Acid Bacteria: Microbiological and Functional Aspects (Vol. 4, 93-121). USA. CRC Press.
- ISAKSSON, J., RASMUSSEN, M., NILSON, B., STADLER, L. S., KURLAND, S., OLAISON, L., EK, E., HERRMANN, B. (2015): Comparison of species identification of endocarditis associated viridans streptococci using rnpB genotyping and 2 MALDI-TOF systems. Diagnostic Microbiology and Infectious Disease 81, 4, 240-245.
- ISLAM, M. R., SHAIKH, H., BAKI, M. A. (1988): Prevalence and pathology of helminth parasites in domestic ducks of Bangladesh. Veterinary Parasitology 29, 1, 73-77.
- IVERSEN, C., MULLANE, N., MCCARDELL, B., TALL, B. D., LEHNER, A., FANNING, S., STEPHAN, R., JOOSTEN, H. (2008): *Cronobacter* gen. nov., a new genus to accommodate the biogroups of *Enterobacter sakazakii*, and proposal of *Cronobacter sakazakii* gen. nov., comb. nov., *Cronobacter malonaticus* sp. nov., *Cronobacter turicensis* sp. nov., *Cronobacter muytjensii* sp. nov., *Cronobacter dublinensis* sp. nov., *Cronobacter* genomospecies 1, and of three subspecies, *Cronobacter dublinensis* subsp. *dublinensis* subsp. nov., *Cronobacter dublinensis* subsp. *lausannensis* subsp. nov. and *Cronobacter dublinensis* subsp. *lactaridi* subsp. nov. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 58, 6, 1442-1447.

- JAFARI, R. A., GHORBANPOUR, M., JAIDERI, A. (2007): An investigation into *Salmonella* infection status in backyard chickens in Iran. *International Journal of Poultry Science* 6, 3, 227-229.
- JANG, S. I., JUN, M.-H., LILLEHOJ, H. S., DALLOUL, R. A., KONG, I.-K., KIM, S., MIN, W. (2007): Anticoccidial effect of green tea-based diets against *Eimeria maxima*. *Veterinary Parasitology* 144, 1, 172-175.
- JASKOLLA, T. W., LEHMANN, W.-D., KARAS, M. (2008): 4-Chloro- α -cyanocinnamic acid is an advanced, rationally designed MALDI matrix. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 105, 34, 12200-12205.
- JENSEN, M. M., DOWNS, W. C., MORREY, J. D., NICOLL, T. R., LEFEVRE, S. D., MEYERS, C. M. (1987): Staphylococcosis of turkeys. 1. Portal of entry and tissue colonization. *Avian Diseases* 31, 1, 64-69.
- JOHNSON, J., REID, W. M. (1973): *Ascaridia galli* (Nematoda): Development and survival in gnotobiotic chickens. *Experimental Parasitology* 33, 1, 95-99.
- JONES, D., KEDDIE, R. M. (2006): The Genus *Arthrobacter*. In M. Dworkin, S. Falkow, E. Rosenberg, K.-H. Schleifer & E. Stackebrandt (Hrsg.): *The Prokaryotes: Volume 3: Archaea. Bacteria: Firmicutes, Actinomycetes* (Vol. 3, 945-960). New York, NY. Springer New York.
- JUNG, M. Y., KIM, J.-S., PAEK, W. K., STYRAK, I., PARK, I.-S., SIN, Y., PAEK, J., PARK, K. A., KIM, H., KIM, H. L. (2012): Description of *Lysinibacillus sinduriensis* sp. nov., and transfer of *Bacillus massiliensis* and *Bacillus odysseyi* to the genus *Lysinibacillus* as *Lysinibacillus massiliensis* comb. nov. and *Lysinibacillus odysseyi* comb. nov. with emended description of the genus *Lysinibacillus*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 62, 10, 2347-2355.
- KAMANI, J., MESEKO, C. A., TANKO, T. J., TAFARKI, A. E., LAZARUS, D. D., PETER, J. G., OLADOKUN, T. (2008): *Tetrameres fissispina* infection in local chickens in Taraba State, Nigeria, case report. *International Journal of Poultry Science* 7, 12, 1216-1218.
- KAMIL, S. A., DARZI, M. M., MIR, M. S., SHAH, S. A., SHAH, S. N., KHAN, F. A. (2011): *Tetrameres fissispina* infection in ducks from Bandipora Area of Kashmir Valley. *Israel Journal of Veterinary Medicine* 66, 2, 43-47.
- KÄMPFER, P., AVESANI, V., JANSSENS, M., CHARLIER, J., DE BAERE, T., VANECHOUTTE, M. (2006): Description of *Wautersiella falsenii* gen. nov., sp. nov., to accommodate clinical isolates phenotypically resembling members of the genera *Chryseobacterium* and *Empedobacter*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 56, 10, 2323-2329.
- KÄMPFER, P., MARTIN, K., GLAESER, S. P. (2013): *Lysinibacillus contaminans* sp. nov., isolated from surface water. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 63, 9, 3148-3153.
- KARAS, M., BACHMANN, D., BAHR, U., HILLENKAMP, F. (1987): Matrix-assisted ultraviolet laser desorption of non-volatile compounds. *International Journal of Mass Spectrometry and Ion Processes* 78, 53-68.

- KARBACH, V., KNOCHENMUSS, R. (1998): Do single matrix molecules generate primary ions in ultraviolet matrix-assisted laser desorption/ionization. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 12, 14, 968-974.
- KATKOV, M. V. (1963): Piperazine in the treatment of amidostomiasis in geese. *Veterinariya* 40, 12, 24-25.
- KAUFMANN, F., DAŞ, G., SOHNREY, B., GAULY, M. (2011): Helminth infections in laying hens kept in organic free range systems in Germany. *Livestock Science* 141, 2-3, 182-187.
- KAUKAS, A., HINTON, M., LINTON, A. H. (1986): Changes in the faecal enterococcal population of young chickens and its effect on the incidence of resistance to certain antibiotics. *Letters in Applied Microbiology* 2, 1, 5-8.
- KAWANO, J., SHIMIZU, A., SAITOH, Y., YAGI, M., SAITO, T., OKAMOTO, R. (1996): Isolation of methicillin-resistant coagulase-negative staphylococci from chickens. *Journal of Clinical Microbiology* 34, 9, 2072-2077.
- KENSE, M. J., LANDMAN, W. J. M. (2011): *Enterococcus cecorum* infections in broiler breeders and their offspring: molecular epidemiology. *Avian Pathology* 40, 6, 603-612.
- KHOT, P. D., FISHER, M. A. (2013): Novel approach for differentiating *Shigella* species and *Escherichia coli* by matrix-assisted laser desorption ionization–time of flight mass spectrometry. *Journal of Clinical Microbiology* 51, 11, 3711-3716.
- KIBENGE, F. S. B., ROOD, J. I., WILCOX, G. E. (1983): Lysogeny and other characteristics of *Staphylococcus hyicus* isolated from chickens. *Veterinary Microbiology* 8, 4, 411-415.
- KINUNG'HI, S. M., TILAHUN, G., HAFEZ, H. M., WOLDEMESKEL, M., KYULE, M., GRAINER, M., BAUMANN, M. P. (2004): Assessment of economic impact caused by poultry coccidiosis in small and large scale poultry farms in Debre Zeit, Ethiopia. *International Journal of Poultry Science* 3, 11, 715-718.
- KLARE, I., HEIER, H., CLAUS, H., REISSBRODT, R., WITTE, W. V. (1995): *vanA*-mediated high-level glycopeptide resistance in *Enterococcus faecium* from animal husbandry. *FEMS Microbiology Letters* 125, 2-3, 165-171.
- KLOOS, W. E., BALLARD, D. N., GEORGE, C. G., WEBSTER, J. A., HUBNER, R. J., LUDWIG, W., SCHLEIFER, K. H., FIEDLER, F., SCHUBERT, K. (1998): Delimiting the genus *Staphylococcus* through description of *Macrococcus caseolyticus* gen. nov., comb. nov. and *Macrococcus equipercicus* sp. nov., *Macrococcus bovicus* sp. nov. and *Macrococcus carouselicus* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 48, 3, 859-877.
- KOBIERECKA, P. A., WYSZYŃSKA, A. K., ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK, T., KUCZKOWSKI, M., TUZIMEK, A., PIOTROWSKA, W., GÓRECKI, A., ADAMSKA, I., WIELICZKO, A., BARDOWSKI, J. (2017): In vitro characteristics of *Lactobacillus* spp. strains isolated from the chicken digestive tract and their role in the inhibition of *Campylobacter* colonization. *MicrobiologyOpen* 6, 5, 1-15.
- KOH, Y. R., KIM, S. Y., CHANG, C. L., SHIN, H.-J., KIM, K.-H., YI, J. (2013): The first Korean case of *Sphingobacterium spiritivorum* bacteremia in a patient with acute myeloid leukemia. *Annals of Laboratory Medicine* 33, 4, 283-287.

- KONDO, H., ABE, N., TSUKUDA, K., WADA, Y. (1997): Adherence of *Enterococcus hirae* to the duodenal epithelium of chicks with diarrhoea. *Avian Pathology* 26, 1, 189-194.
- KORNAS, S., BASIAGA, M., KOWAL, J., NOSAL, P., WIERZBOWSKA, I., KAPKOWSKA, E. (2015): Zatorska goose-a subject of parasitological research. *Annals of Parasitology* 61, 4, 253-256.
- KOZITSKAYA, S., OLSON, M. E., FEY, P. D., WITTE, W., OHLSEN, K., ZIEBUHR, W. (2005): Clonal analysis of *Staphylococcus epidermidis* isolates carrying or lacking biofilm-mediating genes by multilocus sequence typing. *Journal of Clinical Microbiology* 43, 9, 4751-4757.
- KRAMER, J. M., FROST, J. A., BOLTON, F. J., WAREING, D. R. (2000): Campylobacter Contamination of Raw Meat and Poultry at Retail Sale: Identification of Multiple Types and Comparison with Isolates from Human Infection. *Journal of Food Protection* 63, 12, 1654-1659.
- KRISHNAMURTHI, S., CHAKRABARTI, T., STACKEBRANDT, E. (2009): Re-examination of the taxonomic position of *Bacillus silvestris* (Rheims et al. 1999) and proposal to transfer it to *Solibacillus* gen. nov. as *Solibacillus silvestris* comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 59, 5, 1054-1058.
- KRUSE, H., KIRKEMO, A.-M., HANDELAND, K. (2004): Wildlife as source of zoonotic infections. *Emerging Infectious Diseases* 10, 12, 2067-2072.
- KÜHN, I., IVERSEN, A., FINN, M., GREKO, C., BURMAN, L. G., BLANCH, A. R., VILANOVA, X., MANERO, A., TAYLOR, H., CAPLIN, J. (2005): Occurrence and relatedness of vancomycin-resistant enterococci in animals, humans, and the environment in different European regions. *Applied and Environmental Microbiology* 71, 9, 5383-5390.
- LA DUC, M. T., SATOMI, M., VENKATESWARAN, K. (2004): *Bacillus odysseyi* sp. nov., a round-spore-forming bacillus isolated from the Mars Odyssey spacecraft. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 54, 1, 195-201.
- LALCHHANDAMA, K. (2008): Nematocidal effects of piperazine and the extract of *Acacia oxyphylla* stem bark on the poultry nematode, *Ascaridia galli*. *Pharmacologyonline* 3, 864-869.
- LANDMAN, W. J. M., FEBERWEE, A., MEKKES, D. R., VELDMAN, K. T., MEVIUS, D. J. (1999): A study on the vertical transmission of arthropathic and amyloidogenic *Enterococcus faecalis*. *Avian Pathology* 28, 6, 559-566.
- LANDMAN, W. J. M., FEBERWEE, A., VELDMAN, K. T., MEVIUS, D. J. (2001): Epidemiology: Study on the vertical transmission of arthropathic and amyloidogenic *Enterococcus faecalis* in a flock of brown layer chickens. *Veterinary Quarterly* 23, 2, 88-91.
- LANDMAN, W. J. M., GRUYS, E., DWARS, R. M. (1994): A syndrome associated with growth depression and amyloid arthropathy in layers: A preliminary report. *Avian Pathology* 23, 3, 461-470.
- LANDMAN, W. J. M., GRUYS, E., GIELKENS, A. L. J. (1998): Avian amyloidosis. *Avian Pathology* 27, 5, 437-449.

- LEMCKE, R., BÜLTE, M. (2000): Occurrence of the vancomycin-resistant genes *vanA*, *vanB*, *vanC1*, *vanC2* and *vanC3* in *Enterococcus* strains isolated from poultry and pork. *International Journal of Food Microbiology* 60, 2/3, 185-194.
- LEPERCQ, P., GÉRARD, P., BÉGUET, F., RAIBAUD, P., GRILL, J.-P., RELANO, P., CAYUELA, C., JUSTE, C. (2004): Epimerization of chenodeoxycholic acid to ursodeoxycholic acid by *Clostridium baratii* isolated from human feces. *FEMS Microbiology Letters* 235, 1, 65-72.
- LU, J., IDRIS, U., HARMON, B., HOFACRE, C., MAURER, J. J., LEE, M. D. (2003): Diversity and succession of the intestinal bacterial community of the maturing broiler chicken. *Applied and Environmental Microbiology* 69, 11, 6816-6824.
- LUND, E. E., CHUTE, A. M. (1970): Relative importance of young and mature turkeys and chickens in contaminating soil with *Histomonas*-bearing *Heterakis* eggs. *Avian Diseases* 14, 2, 342-348.
- LUND, E. E., WEHR, E. E., ELLI, D. J. (1966): Earthworm transmission of *Heterakis* and *Histomonas* to turkeys and chickens. *The Journal of Parasitology* 52, 5, 899-902.
- LUNDSTROM, T. S., SOBEL, J. D. (1995): Vancomycin, trimethoprim-sulfamethoxazole, and rifampin. *Infectious Disease Clinics of North America* 9, 3, 747-767.
- MAGWISHA, H. B., KASSUKU, A. A., KYVSGAARD, N. C., PERMIN, A. (2002): A comparison of the prevalence and burdens of helminth infections in growers and adult free-range chickens. *Tropical Animal Health and Production* 34, 3, 205-214.
- MAKRAI, L., NEMES, C., SIMON, A., IVANICS, É., DUDÁS, Z., FODOR, L., GLÁVITS, R. (2011): Association of *Enterococcus cecorum* with vertebral osteomyelitis and spondylolisthesis in broiler parent chicks. *Acta Veterinaria Hungarica* 59, 1, 11-21.
- MANNING, J., GOLE, V., CHOUSALKAR, K. (2015): Screening for *Salmonella* in backyard chickens. *Preventive Veterinary Medicine* 120, 2, 241-245.
- MANOS, J., BELAS, R. (2006): The Genera *Proteus*, *Providencia*, and *Morganella*. In M. Dworkin, S. Falkow, E. Rosenberg, K.-H. Schleifer & E. Stackebrandt (Hrsg.): *The Prokaryotes: Volume 3: Archaea. Bacteria: Firmicutes, Actinomycetes* (245-269). New York. Springer New York.
- MCBRIDE, M. D., HIRD, D. W., CARPENTER, T. E., SNIPES, K. P., DANAYE-ELMI, C., UTTERBACK, W. W. (1991): Health survey of backyard poultry and other avian species located within one mile of commercial California meat-turkey flocks. *Avian Diseases* 35, 2, 403-407.
- MCDONALD, L. C., KUEHNERT, M. J., TENOVER, F. C., JARVIS, W. R. (1997): Vancomycin-resistant enterococci outside the health-care setting: prevalence, sources, and public health implications. *Emerging Infectious Diseases* 3, 3, 311-317.
- MCDUGALD, L. R. (2008): Internal parasites. In Y. M. Saif, J. R. Glisson, L. R. McDougald, L. K. Nolan & D. E. Swayne (Hrsg.): *Diseases of Poultry* (Vol. 12, 1025-1066). Blackwell.
- MENEZES, R. C., TORTELLY, R., GOMES, D. C., PINTO, R. M. (2003): Nodular typhlitis associated with the nematodes *Heterakis gallinarum* and *Heterakis isolonche* in pheasants: frequency and pathology with evidence of neoplasia. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 98, 8, 1011-1016.

- MEZZATESTA, M. L., GONA, F., STEFANI, S. (2012): *Enterobacter cloacae* complex: clinical impact and emerging antibiotic resistance. *Future Microbiology* 7, 7, 887-902.
- MIDHA, A., SCHLOSSER, J., HARTMANN, S. (2017): Reciprocal interactions between nematodes and their microbial environments. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 7, 144, 1-20.
- MILLER, D. L., BRAZER, S., MURDOCH, D., RELLER, L. B., COREY, G. R. (2001): Significance of *Clostridium tertium* bacteremia in neutropenic and nonneutropenic patients: review of 32 cases. *Clinical Infectious Diseases* 32, 6, 975-978.
- MOERKE-SCHINDLER, T., SCHMIDT, V., KRAUTWALD-JUNGHANNS, M.-E. (2017): Zum Vorkommen von parasitären und bakteriellen Infektionserregern bei klinisch gesunden Rassehühnern in der Region Leipzig. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 130 9/10, 395-403.
- MOHAN, B., ZAMAN, K., ANAND, N., TANEJA, N. (2017): *Aerococcus viridans*: A rare pathogen causing urinary tract infection. *Journal of Clinical and Diagnostic Research: JCDR* 11, 1, DR01-DR03.
- MOLIN, L., SERAGLIA, R., CZARNOCKI, Z., MAURIN, J. K., PLUCIŃSKI, F. A., TRALDI, P. (2012): On the primary ionization mechanism(s) in matrix-assisted laser desorption ionization. *Journal of Analytical Methods in Chemistry* 2012.
- MORAIS, V. P., DAPORTA, M. T., BAO, A. F., CAMPELLO, M. G., ANDRÉS, G. Q. (2009): Enteric fever-like syndrome caused by *Raoultella ornithinolytica* (*Klebsiella ornithinolytica*). *Journal of Clinical Microbiology* 47, 3, 868-869.
- MORGAN, J. A. T., GODWIN, R. M. (2017): Mitochondrial genomes of Australian chicken *Eimeria* support the presence of ten species with low genetic diversity among strains. *Veterinary Parasitology* 243, 58-66.
- MORGAN, J. A. T., MORRIS, G. M., WLODEK, B. M., BYRNES, R., JENNER, M., CONSTANTINOIU, C. C., ANDERSON, G. R., LEW-TABOR, A. E., MOLLOY, J. B., GASSER, R. B., JORGENSEN, W. K. (2009): Real-time polymerase chain reaction (PCR) assays for the specific detection and quantification of seven *Eimeria* species that cause coccidiosis in chickens. *Molecular and Cellular Probes* 23, 2, 83-89.
- MUHAIRWA, A. P., MTAMBO, M. M. A., CHRISTENSEN, J. P., BISGAARD, M. (2001): Occurrence of *Pasteurella multocida* and related species in village free ranging chickens and their animal contacts in Tanzania. *Veterinary Microbiology* 78, 2, 139-153.
- MURRY JR, A. C., HINTON JR, A., MORRISON, H. (2004): Inhibition of growth of *Escherichia coli*, *Salmonella typhimurium*, and *Clostridia perfringens* on chicken feed media by *Lactobacillus salivarius* and *Lactobacillus plantarum*. *International Journal of Poultry Science* 3, 9, 603-607.
- NAKA, T., FUJIWARA, N., YANO, I., MAEDA, S., DOE, M., MINAMINO, M., IKEDA, N., KATO, Y., WATABE, K., KUMAZAWA, Y. (2003): Structural analysis of sphingophospholipids derived from *Sphingobacterium spiritivorum*, the type species of genus *Sphingobacterium*. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular and Cell Biology of Lipids* 1635, 2, 83-92.

- NAKAMURA, L., SHIDA, O., TAKAGI, H., KOMAGATA, K. (2002): *Bacillus pycnus* sp. nov. and *Bacillus neidei* sp. nov., round-spored bacteria from soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 52, 2, 501-505.
- NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. NCBI Taxonomy Browser. 2017, from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi>
- NAWAZ, M. S., KHAN, A. A., KHAN, S. A., PAINE, D. D., POTHULURI, J. V., CERNIGLIA, C. E. (1999): Biochemical and molecular characterization of erythromycin-resistant avian *Staphylococcus* spp. isolated from chickens. *Poultry Science* 78, 8, 1191-1197.
- NEUMEISTER, B., GEISS, H. K., BRAUN, R. W., KIMMIG, P. (2009): Mikrobiologische Diagnostik: Bakteriologie - Mykologie - Virologie - Parasitologie (Vol. 2). Georg Thieme Verlag.
- NEVILLE, S. A., LECORDIER, A., ZIOCHOS, H., CHATER, M. J., GOSBELL, I. B., MALEY, M. W., VAN HAL, S. J. (2011): Utility of Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry following Introduction for Routine Laboratory Bacterial Identification. *Journal of Clinical Microbiology* 49, 8, 2980-2984.
- NEWELL, D. G., FEARNLEY, C. (2003): Sources of *Campylobacter* colonization in broiler chickens. *Applied and Environmental Microbiology* 69, 8, 4343-4351.
- NIR, I., SHEFET, G., AARONI, Y. (1994): Effect of particle size on performance. 1. Corn. *Poultry Science* 73, 1, 45-49.
- NORTON, R. A., HOPKINS, B. A., SKEELES, J. K., BEASLEY, J. N., KREEGER, J. M. (1992): High mortality of domestic turkeys associated with *Ascaridia dissimilis*. *Avian Diseases* 36, 2, 469-473.
- NOVÁKOVÁ, D., SEDLÁČEK, I., PANTŮČEK, R., ŠTĚTINA, V., ŠVEC, P., PETRÁŠ, P. (2006): *Staphylococcus equorum* and *Staphylococcus succinus* isolated from human clinical specimens. *Journal of Medical Microbiology* 55, 5, 523-528.
- OKULEWICZ, A., ZŁOTORZYCKA, J. (1985): Connections between *Ascaridia galli* and the bacterial flora in the intestine of hens. *Angewandte Parasitologie* 26, 3, 151-155.
- OTTO, M. (2004): Virulence factors of the coagulase-negative staphylococci. *Front Biosci* 9, 1, 841-863.
- PARVATHI, A., KRISHNA, K., JOSE, J., JOSEPH, N., NAIR, S. (2009): Biochemical and molecular characterization of *Bacillus pumilus* isolated from coastal environment in Cochin, India. *Brazilian Journal of Microbiology* 40, 2, 269-275.
- PASCUAL, M., HUGAS, M., BADIOLA, J. I., MONFORT, J. M., GARRIGA, M. (1999): *Lactobacillus salivarius* CTC2197 prevents *Salmonella enteritidis* colonization in chickens. *Applied and Environmental Microbiology* 65, 11, 4981-4986.
- PAUL-EHRLICH-INSTITUT - BUNDESINSTITUT FÜR IMPFSTOFFE UND BIOMEDIZINISCHE ARZNEIMITTEL. Retrieved 13/01/2018, from <https://www.bundesanzeiger.de/ebanzwww/wexsservlet>
- PEEK, H. W., LANDMAN, W. J. M. (2011): Coccidiosis in poultry: anticoccidial products, vaccines and other prevention strategies. *Veterinary Quarterly* 31, 3, 143-161.

- PERICHON, B., REYNOLDS, P., COURVALIN, P. (1997): *VanD*-type glycopeptide-resistant *Enterococcus faecium* BM4339. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 41, 9, 2016-2018.
- PERMIN, A., CHRISTENSEN, J. P., BISGAARD, M. (2006): Consequences of concurrent *Ascaridia galli* and *Escherichia coli* infections in chickens. *Acta Veterinaria Scandinavica* 47, 1, 43-54.
- PERMIN, A., ESMANN, J. B., HOJ, C. H., HOVE, T., MUKARATIRWA, S. (2002): Ecto-, endo- and haemoparasites in free-range chickens in the Goromonzi District in Zimbabwe. *Preventive Veterinary Medicine* 3, 54, 213-224.
- PERMIN, A., RANVIG, H. (2001): Genetic resistance to *Ascaridia galli* infections in chickens. *Veterinary Parasitology* 102, 1, 101-111.
- PETERS, R., BERKERS, P., JANSEN, W. H., NOTERMANS, S. H. (1991): *Salmonella* contamination of poultry flocks in the Netherlands. *The Veterinary Quarterly* 13, 1, 41-46.
- PIETTE, A., VERSCHRAEGEN, G. (2009): Role of coagulase-negative staphylococci in human disease. *Veterinary Microbiology* 134, 1, 45-54.
- PODSCHUN, R., FISCHER, A., ULLMANN, U. (2001): Characterisation of *Hafnia alvei* isolates from human clinical extra-intestinal specimens: haemagglutinins, serum resistance and siderophore synthesis. *Journal of Medical Microbiology* 50, 3, 208-214.
- POETA, P., COSTA, D., RODRIGUES, J., TORRES, C. (2005): Study of faecal colonization by *vanA*-containing *Enterococcus* strains in healthy humans, pets, poultry and wild animals in Portugal. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 55, 2, 278-280.
- POHJOLA, L., NYKÄSENOJA, S., KIVISTÖ, R., SOVERI, T., HUOVILAINEN, A., HÄNNINEN, M. L., FREDRIKSSON-AHOMAA, M. (2016): Zoonotic Public Health Hazards in Backyard Chickens. *Zoonoses and Public Health* 63, 5, 420-430.
- PORTELLA, F. J., CASTON, L. J., LEESON, S. (1988): Apparent feed particle size preference by laying hens. *Canadian Journal of Animal Science* 68, 3, 915-922.
- POT, B., DEVRIESE, L. A., HOMMEZ, J., MIRY, C., VANDEMEULEBROECKE, K., KERSTERS, K., HAESBROUCK, F. (1994): Characterization and identification of *Vagococcus fluvialis* strains isolated from domestic animals. *Journal of Applied Bacteriology* 77, 4, 362-369.
- POYART, C., QUESNE, G., TRIEU-CUOT, P. (2002): Taxonomic dissection of the *Streptococcus bovis* group by analysis of manganese-dependent superoxide dismutase gene (*sodA*) sequences: reclassification of '*Streptococcus infantarius* subsp. *coli*' as *Streptococcus lutetiensis* sp. nov. and of *Streptococcus bovis* biotype 11.2 as *Streptococcus pasteurianus* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 52, 4, 1247-1255.
- PUERTA-FERNANDEZ, S., MIRALLES-LINARES, F., SANCHEZ-SIMONET, M. V., BERNAL-LOPEZ, M. R., GOMEZ-HUEL GAS, R. (2013): *Raoultella planticola* bacteraemia secondary to gastroenteritis. *Clinical Microbiology and Infection* 19, 5, E236-E237.
- PUTTALAKSHMAMMA, G. C., ANANDA, K. J., PRATHIUSH, P. R., MAMATHA, G. S., RAO, S. (2008): Prevalence of gastrointestinal parasites of poultry in and around Bangalore. *Veterinary World* 1, 7, 201-202.

- QUINTILIANI JR, R., EVERS, S., COURVALIN, P. (1993): The van B gene confers various levels of self-transferable resistance to vancomycin in enterococci. *Journal of Infectious Diseases* 167, 5, 1220-1223.
- RANDALL, C. J., WOOD, A. M., MACKENZIE, G. (1993): Encephalomalacia in first-week chicks. *Veterinary Record* 32, 16, 419-419.
- RAUTENSCHLEIN, S., RYLL, M. (2014): *Erkrankungen des Nutzgeflügels*. Verlag Eugen Ulmer Stuttgart.
- RAZ, R., COLODNER, R., KUNIN, C. M. (2005): Who are you—*Staphylococcus saprophyticus*? *Clinical Infectious Diseases* 40, 6, 896-898.
- READ, S. C., IRWIN, R. J., POPPE, C., HARRIS, J. (1994): A comparison of two methods for isolation of *Salmonella* from poultry litter samples. *Poultry Science* 73, 10, 1617-1621.
- REICHEL, U. (2010). *Koprologische Untersuchungen bei Rassehühnern: Nachweis von Endoparasiten*. Justus-Liebig-Universität Gießen.
- RESCH, M., NAGEL, V., HERTEL, C. (2008): Antibiotic resistance of coagulase-negative staphylococci associated with food and used in starter cultures. *International Journal of Food Microbiology* 127, 1, 99-104.
- RHEIMS, H., FRÜHLING, A., SCHUMANN, P., ROHDE, M., STACKEBRANDT, E. (1999): *Bacillus silvestris* sp. nov., a new member of the genus *Bacillus* that contains lysine in its cell wall. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 49, 2, 795-802.
- RHODES, P., QUESNEL, L. B. (1986): Comparison of Muller-Kauffmann tetrathionate broth with Rappaport-Vassiliadis (RV) medium for the isolation of salmonellas from sewage sludge. *Journal of Applied Microbiology* 60, 2, 161-167.
- ROBERT KOCH-INSTITUT. (2017). Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. Retrieved 30/01/2018, from <https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/Jahrbuch/Jahrbuecher/2016.html?nn=2374622>
- ROLLE, M., MAYR, A. (2007): *Medizinische Mikrobiologie, Infektions- und Seuchenlehre* (Vol. 8). Georg Thieme Verlag.
- ROSÀ, R., BOLZONI, L., ROSSO, F., PUGLIESE, A., HUDSON, P. J., RIZZOLI, A. (2011): Effect of *Ascaridia compar* infection on rock partridge population dynamics: empirical and theoretical investigations. *Oikos* 120, 10, 1557-1567.
- SAENZ, A. J., PETERSEN, C. E., VALENTINE, N. B., GANTT, S. L., JARMAN, K. H., KINGSLEY, M. T., WAHL, K. L. (1999): Reproducibility of matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry for replicate bacterial culture analysis. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 13, 15, 1580-1585.
- SAH, R. L., MALL, M. P., MOHANTY, G. C. (1983): Septicemic *Proteus* infection in japanese quail chicks (*Coturnix coturnix japonica*). *Avian Diseases* 27, 1, 296-300.
- SAIF, Y. M., MOORHEAD, P. D., DEARTH, R. N., JACKWOOD, D. J. (1980): Observations on *Alcaligenes faecalis* infection in turkeys. *Avian Diseases* 24, 3, 665-684.

- SALISCH, H., SIEGMANN, O. (2012): Protozoen. In O. Siegmann & U. Neumann (Hrsg.): Kompendium der Geflügelkrankheiten (Vol. 7, 311-329). Schlütersche Verlagsgesellschaft mbH & Co. KG.
- SALMON, S. A., WATTS, J. L. (2000): Minimum inhibitory concentration determinations for various antimicrobial agents against 1570 bacterial isolates from turkey poults. *Avian Diseases* 44, 1, 85-98.
- SANDHU, T. S. (1988): Fecal streptococcal infection of commercial white pekin ducklings. *Avian Diseases* 32, 3, 570-573.
- SASI JYOTHSNA, T. S., TUSHAR, L., SASIKALA, C., RAMANA, C. V. (2016): *Paraclostridium benzoelyticum* gen. nov., sp. nov., isolated from marine sediment and reclassification of *Clostridium bifermentans* as *Paraclostridium bifermentans* comb. nov.. Proposal of a new genus *Paeniclostridium* gen. nov. to accommodate *Clostridium sordellii* and *Clostridium ghonii*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 66, 3, 1268-1274.
- SATAKE, S., CLARK, N., RIMLAND, D., NOLTE, F. S., TENOVER, F. C. (1997): Detection of vancomycin-resistant enterococci in fecal samples by PCR. *Journal of Clinical Microbiology* 35, 9, 2325-2330.
- SCANLAN, C. M., HARGIS, B. M. (1989): A bacteriologic study of scabby-hip lesions from broiler chickens in Texas. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation* 1, 2, 170-173.
- SCHALLMEY, M., SINGH, A., WARD, O. P. (2004): Developments in the use of *Bacillus* species for industrial production. *Canadian Journal of Microbiology* 50, 1, 1-17.
- SCHIFFMAN, H. R. (1968): Texture preference in the domestic chick. *Journal of Comparative and Physiological Psychology* 66, 2, 540-541.
- SCHLEGEL, L., GRIMONT, F., AGERON, E., GRIMONT, P. A. D., BOUVET, A. (2003): Reappraisal of the taxonomy of the *Streptococcus bovis*/*Streptococcus equinus* complex and related species: description of *Streptococcus gallolyticus* subsp. *gallolyticus* subsp. nov., *S. gallolyticus* subsp. *macedonicus* subsp. nov. and *S. gallolyticus* subsp. *pasteurianus* subsp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 53, 3, 631-645.
- SCHLEIFER, K. H., KLOOS, W. E. (1975): Isolation and characterization of staphylococci from human skin I. Amended descriptions of *Staphylococcus epidermidis* and *Staphylococcus saprophyticus* and descriptions of three new species: *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus haemolyticus*, and *Staphylococcus xylosus*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 25, 1, 50-61.
- SCHLUNDT, J., MUNCH, B. (1993): A comparison of the efficiency of Rappaport-Vassiliadis, tetrathionate and selenite broths with and without pre-enrichment for the isolation of *Salmonella* in animal waste biogas plants. *Zentralblatt für Bakteriologie* 279, 3, 336-343.
- SCHMÄSCHKE, R. (2015): Die koproskopische Diagnostik von Endoparasiten in der Veterinärmedizin. Schlütersche Verlagsgesellschaft mbH & Company KG.
- ŠEDO, O., NEMEC, A., KŘÍŽOVÁ, L., KAČALOVÁ, M., ZDRÁHAL, Z. (2013): Improvement of MALDI-TOF MS profiling for the differentiation of species within the *Acinetobacter*

- calcoaceticus*—*Acinetobacter baumannii* complex. Systematic and Applied Microbiology 36, 8, 572-578.
- SEKELJA, M., RUD, I., KNUTSEN, S. H., DENSTADLI, V., WESTERENG, B., NÆS, T., RUDI, K. (2012): Abrupt temporal fluctuations in chicken fecal microbiota explained by gastrointestinal origin. Applied and Environmental Microbiology 78, 8, 2941-2948.
- SEKIZAKI, T., NISHIYA, H., NAKAJIMA, S., NISHIZONO, M., KAWANO, M., OKURA, M., TAKAMATSU, D., NISHINO, H., ISHIJI, T., OSAWA, R. (2008): Endocarditis in chickens caused by subclinical infection of *Streptococcus gallolyticus* subsp. *gallolyticus*. Avian Diseases 52, 1, 183-186.
- SELBITZ, H. J., TRUYEN, U., VALENTIN-WEIGAND, P. (2015): Tiermedizinische Mikrobiologie, Infektions- und Seuchenlehre (Vol. 10). Georg Thieme Verlag.
- SENG, P., DRANCOURT, M., GOURIET, F., LA SCOLA, B., FOURNIER, P. E., ROLAIN, J. M., RAOULT, D. (2009): Ongoing revolution in bacteriology: routine identification of bacteria by matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry. Clinical Infectious Diseases 49, 4, 543-551.
- SETO, Y., KOMIYA, T., IWAKI, M., KOHDA, T., MUKAMOTO, M., TAKAHASHI, M., KOZAKI, S. (2008): Properties of corynebacteriophage attachment site and molecular epidemiology of *Corynebacterium ulcerans* isolated from humans and animals in Japan. Japanese Journal of Infectious Diseases 61, 2, 116-122.
- SHAPIRO, S. K., SARLES, W. B. (1949): Microorganisms in the intestinal tract of normal chickens. Journal of Bacteriology 58, 4, 531-544.
- SHIDA, O., TAKAGI, H., KADOWAKI, K., KOMAGATA, K. (1996): Proposal for two new genera, *Brevibacillus* gen. nov. and *Aneurinibacillus* gen. nov. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 46, 4, 939-946.
- SHIDA, O., TAKAGI, H., KADOWAKI, K., UDAKA, S., NAKAMURA, L. K., KOMAGATA, K. (1995): Proposal of *Bacillus reuszeri* sp. nov., *Bacillus formosus* sp. nov., nom. rev., and *Bacillus borstelensis* sp. nov., nom. rev. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 45, 1, 93-100.
- SIMMONS, D. G., DAVIS, D. E., ROSE, L. P., GRAY, J. G., LUGINBUHL, G. H. (1981): *Alcaligenes faecalis*-associated respiratory disease of chickens. Avian Diseases 25, 3, 610-613.
- SONG, A. A.-L., IN, L. L., LIM, S. H. E., RAHIM, R. A. (2017): A review on *Lactococcus lactis*: from food to factory. Microbial Cell Factories 16, 1, 55.
- SPEIRS, G., WARREN, R. E., RAMP, A. (1988): *Clostridium tertium* septicemia in patients with neutropenia. Journal of Infectious Diseases 158, 6, 1336-1340.
- SSENYONGA, G. S. Z. (1982): Prevalence of helminth parasites of domestic fowl (*Gallus domesticus*) in Uganda. Tropical Animal Health and Production 14, 4, 201-204.
- STALKER, M. J., BRASH, M. L., WEISZ, A., OUCKAMA, R. M., SLAVIC, D. (2010): Arthritis and osteomyelitis associated with *Enterococcus cecorum* infection in broiler and broiler breeder chickens in Ontario, Canada. Journal of Veterinary Diagnostic Investigation 22, 4, 643-645.
- STEPANOVIC, S., JEŽEK, P., VUKOVIC, D., DAKIC, I., PETRÁŠ, P. (2003): Isolation of members of the *Staphylococcus sciuri* group from urine and their relationship to urinary tract infections. Journal of Clinical Microbiology 41, 11, 5262-5264.

- STERN, N. J., SVETOCH, E. A., ERUSLANOV, B. V., PERELYGIN, V. V., MITSEVICH, E. V., MITSEVICH, I. P., POKHILENKO, V. D., LEVCHUK, V. P., SVETOCH, O. E., SEAL, B. S. (2006): Isolation of a *Lactobacillus salivarius* strain and purification of its bacteriocin, which is inhibitory to *Campylobacter jejuni* in the chicken gastrointestinal system. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 50, 9, 3111-3116.
- ŠVEC, P., VANCANNEYT, M., DEVRIESE, L. A., NASER, S. M., SNAUWAERT, C., LEFEBVRE, K., HOSTE, B., SWINGS, J. (2005): *Enterococcus aquimarinus* sp. nov., isolated from sea water. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 55, 5, 2183-2187.
- TAFIN, U. F., CORVEC, S., BETRISEY, B., ZIMMERLI, W., TRAMPUZ, A. (2012): Role of rifampin against *Propionibacterium acnes* biofilm in vitro and in an experimental foreign-body infection model. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 56, 4, 1885-1891.
- TAN, K., CONWAY, S. P., BROWNLEE, K. G., ETHERINGTON, C., PECKHAM, D. G. (2002): *Alcaligenes* infection in cystic fibrosis. *Pediatric Pulmonology* 34, 2, 101-104.
- TANAKA, K., WAKI, H., IDO, Y., AKITA, S., YOSHIDA, Y., YOSHIDA, T., MATSUO, T. (1988): Protein and polymer analyses up to m/z 100 000 by laser ionization time-of-flight mass spectrometry. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 2, 8, 151-153.
- TANVEER, S., AHAD, S., CHISHTI, M. Z. (2015): Morphological characterization of nematodes of the genera *Capillaria*, *Acuaria*, *Amidostomum*, *Streptocara*, *Heterakis*, and *Ascaridia* isolated from intestine and gizzard of domestic birds from different regions of the temperate Kashmir valley. *Journal of Parasitic Diseases* 39, 4, 745-760.
- TEIXEIRA, L. M., CARVALHO, M. G., MERQUIOR, V. L., STEIGERWALT, A. G., BRENNER, D. J., FACKLAM, R. R. (1997): Phenotypic and genotypic characterization of *Vagococcus fluvialis*, including strains isolated from human sources. *Journal of Clinical Microbiology* 35, 11, 2778-2781.
- TEMESGEN, Z., TOAL, D. R., COCKERILL III, F. R. (1997): *Leclercia adecarboxylata* infections: case report and review. *Clinical Infectious Diseases*, 79-81.
- TSUBAKISHITA, S., KUWAHARA-ARAI, K., BABA, T., HIRAMATSU, K. (2010): Staphylococcal cassette chromosome *mec*-like element in *Macrococcus caseolyticus*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* 54, 4, 1469-1475.
- VALENTINE, N., WUNSCH, S., WUNSCH, D., PETERSEN, C., WAHL, K. (2005): Effect of culture conditions on microorganism identification by matrix-assisted laser desorption ionization mass spectrometry. *Applied and Environmental Microbiology* 71, 1, 58-64.
- VANCANNEYT, M., SEGERS, P., TORCK, U., HOSTE, B., BERNARDET, J.-F., VANDAMME, P., KERSTERS, K. (1996): Reclassification of *Flavobacterium odoratum* (Stutzer 1929) strains to a new genus, *Myroides*, as *Myroides odoratus* comb. nov. and *Myroides odoratimimus* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 46, 4, 926-932.
- VELA, A. I., COLLINS, M. D., LATRE, M. V., MATEOS, A., MORENO, M. A., HUTSON, R., DOMINGUEZ, L., FERNANDEZ-GARAYZABAL, J. F. (2003): *Psychrobacter pulmonis* sp. nov., isolated from the lungs of lambs. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 53, 2, 415-419.

- VELA, J., HILDEBRANDT, K., METCALFE, A., REMPEL, H., BITTMAN, S., TOPP, E., DIARRA, M. (2012): Characterization of *Staphylococcus xylosus* isolated from broiler chicken barn bioaerosol. *Poultry Science* 91, 12, 3003-3012.
- VERBAND BAYERISCHER RASSEGEFLÜGELZÜCHTER E. V. (2018). Wer sind wir? Retrieved 13/01/2018, 2018, from <https://www.rassegefluegel-bayern.de/organisation/wer-sind-wir/>
- VIDENSKA, P., FALDYNOVA, M., JURICOVA, H., BABAK, V., SISAK, F., HAVLICKOVA, H., RYCHLIK, I. (2013): Chicken faecal microbiota and disturbances induced by single or repeated therapy with tetracycline and streptomycin. *BMC Veterinary Research* 9, 1, 30.
- VIDENSKA, P., RAHMAN, M. M., FALDYNOVA, M., BABAK, V., MATULOVA, M. E., PRUKNER-RADOVICIC, E., KRIZEK, I., SMOLE-MOZINA, S., KOVAC, J., SZMOLKA, A. (2014): Characterization of egg laying hen and broiler fecal microbiota in poultry farms in Croatia, Czech Republic, Hungary and Slovenia. *PLoS One* 9, 10, e110076.
- VIJAYAKUMARAN NAIR, K., NADAKAL, A. M. (1981): Haematological changes in domestic fowl experimentally infected with the cestode *Raillietina tetragona* (Molin, 1858). *Veterinary Parasitology* 8, 1, 49-58.
- VIVAS, J., PADILLA, D., REAL, F., BRAVO, J., GRASSO, V., ACOSTA, F. (2008): Influence of environmental conditions on biofilm formation by *Hafnia alvei* strains. *Veterinary Microbiology* 129, 1-2, 150-155.
- VOOGT, N., RAES, M., WANNET, W. J. B., HENKEN, A. M., VAN DE GIESSEN, A. W. (2001): Comparison of selective enrichment media for the detection of *Salmonella* in poultry faeces. *Letters in Applied Microbiology* 32, 2, 89-92.
- WAGNER, D. D., THOMAS, O. P. (1978): Influence of diets containing rye or pectin on the intestinal flora of chicks. *Poultry Science* 57, 4, 971-975.
- WAN, C., ZHAO, X. Q., GUO, S. L., ALAM, M. A., BAI, F. W. (2013): Bioflocculant production from *Solibacillus silvestris* W01 and its application in cost-effective harvest of marine microalga *Nannochloropsis oceanica* by flocculation. *Bioresource Technology* 135, 207-212.
- WANG, X., ZHU, C., XU, X., ZHOU, G. (2012): Real-time PCR with internal amplification control for the detection of *Cronobacter* spp. (*Enterobacter sakazakii*) in food samples. *Food Control* 25, 1, 144-149.
- WANG, Z., RUSSON, L., LI, L., ROSER, D. C., LONG, S. R. (1998): Investigation of spectral reproducibility in direct analysis of bacteria proteins by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 12, 8, 456-464.
- WEGENER, H. C., AARESTRUP, F. M., JENSEN, L. B., HAMMERUM, A. M., BAGER, F. (1999): Use of antimicrobial growth promoters in food animals and *Enterococcus faecium* resistance to therapeutic antimicrobial drugs in Europe. *Emerging Infectious Diseases* 5, 3, 329-335.
- WEGENER, H. C., HALD, T., WONG, L. F., MADSEN, M., KORSGAARD, H., BAGER, F., GERNER-SMIDT, P., MØLBAK, K. (2003): *Salmonella* control programs in Denmark. *Emerging Infectious Diseases* 9, 7, 774-780.

- WELHAM, K. J., DOMIN, M. A., SCANNELL, D. E., COHEN, E., ASHTON, D. S. (1998): The characterization of micro-organisms by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 12, 4, 176-180.
- WILLIAMS, R. B. (2006): Tracing the emergence of drug-resistance in coccidia (*Eimeria* spp.) of commercial broiler flocks medicated with decoquinate for the first time in the United Kingdom. *Veterinary Parasitology* 135, 1, 1-14.
- WILLOUGHBY, D. H., BICKFORD, A. A., CHARLTON, B. R., COOPER, G. L., LINARES, J. A. (1995): *Ascaridia dissimilis* larval migration associated with enteritis and low market weights in meat turkeys. *Avian Diseases* 39, 4, 837-843.
- WOLF, G., STRAUBINGER, R. (2016): Extraktion mittels MALDI-TOF. Persönliche Mitteilung, Lehrstuhl für Bakteriologie und Mykologie: Tierärztliche Fakultät, Ludwig-Maximilians-Universität München.
- WONG, Y. M., JUAN, J. C., GAN, H. M., AUSTIN, C. M. (2014): Draft genome sequence of *Clostridium bifermentans* strain WYM, a promising biohydrogen producer isolated from landfill leachate sludge. *Genome Announcements* 2, 2, e00077-00014.
- WORCMAN-BARNINKA, D., DESTRO, M. T., FERNANDES, S. A., LANDGRAF, M. (2001): Evaluation of motility enrichment on modified semi-solid Rappaport–Vassiladis medium (MSRV) for the detection of *Salmonella* in foods. *International Journal of Food Microbiology* 64, 3, 387-393.
- WUNDERWALD, C., HOOP, R. K. (2002): Serological monitoring of 40 Swiss fancy breed poultry flocks. *Avian Pathology* 31, 2, 157-162.
- YABUUCHI, E., KANEKO, T., YANO, I., MOSS, C. W., MIYOSHI, N. (1983): *Sphingobacterium* gen. nov., *Sphingobacterium spiritivorum* comb. nov., *Sphingobacterium multivorum* comb. nov., *Sphingobacterium mizutae* sp. nov., and *Flavobacterium indologenes* sp. nov.: Glucose-Nonfermenting Gram-Negative Rods in CDC Groups IIK-2 and IIb. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 33, 3, 580-598.
- YOUSUF, M. A., DAS, P. M., ANISUZZAMAN, B., BANOWARY, B. (2009): Gastro-intestinal helminths of ducks: some epidemiologic and pathologic aspects. *Journal of the Bangladesh Agricultural University* 7, 1, 91-97.
- ZAJAC, A. M., JOHNSON, J., KING, S. E. (2002): Evaluation of the importance of centrifugation as a component of zinc sulfate fecal flotation examinations. *Journal of the American Animal Hospital Association* 38, 3, 221-224.
- ZELLER, K. P. (1996): Massenspektrometrie. In H. Naumer & W. Heller (Hrsg.): *Untersuchungsmethoden in der Chemie: Einführung in die moderne Analytik* (346-368). Weinheim, Germany. Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA.
- ZHAO, F., FENG, Y., CHEN, R., ZHANG, J., LIN, X. (2015): *Lysinibacillus alkaliphilus* sp. nov., an extremely alkaliphilic bacterium, and emended description of genus *Lysinibacillus*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 65, 8, 2426-2431.
- ZSCHIESCHE, W., JAKOB, W. (1989): Pathology of animal amyloidosis. *Pharmacology and Therapeutics* 41, 1-2, 49-83.

XI. ANHANG

11.1 Material

11.1.1 Zusammensetzung der Nährböden

Blut-Agarplatten

Spezialpepton	23,0 g/l
Stärke	1,0 g/l
Natriumchlorid	5,0 g/l
Agar	10,0 g/l
Defibriniertes Schafblut	50,0 ml

Columbia CNA-Agarplatten

Spezialpepton	23,0 g/l
Stärke	1,0 g/l
Natriumchlorid	5,0 g/l
Nalidixinsäure	0,005 g/l
Colistin	0,0075 g/l
Agar	10,0 g/l
Defibriniertes Schafblut	70,0 ml

EMB-Agarplatten (Levine modifiziert)

Pepton	10,0 g/l
Lactose	10,0 g/l
Dikaliumhydrogenphosphat	2,0 g/l
Eosin Y	0,4 g/l
Methylenblau	0,065 g/l
Agar	15,0 g/l

XLD-Agarplatten

Hefeextrakt	3,0 g/l
Lysin	5,0 g/l
Xylose	3,75 g/l
Lactose	7,5 g/l
Saccharose	7,5 g/l
Natriumdesoxycholat	1,0 g/l
Natriumchlorid	5,0 g/l
Natriumthiosulfat	6,8 g/l
Eisen(III)ammoniumcitrat	0,8 g/l
Phenolrot	0,08 g/l
Agar	12,5 g/l

Brilliance™ Salmonella-Agarplatten

Salmonella Wachstumsmischung	14,0 g/l
Chromogene Substanzen	25,0 g/l
Cefsulodin	0,012 g/l

Novobiocin	0,005 g/l
Agar	15,0 g/l

Brilliance™ Candida-Agarplatten

Pepton	4,0 g/l
Chromogene Mischung	13,6 g/l
Chloramphenicol	0,5 g/l
Agar	13,6 g/l

KAA-Agarplatten

Caseinpepton	20,0 g/l
Hefeextrakt	5,0 g/l
Natriumchlorid	5,0 g/l
Natriumcitrat	1,0 g/l
Äsculin	1,0 g/l
Eisen(III)ammoniumcitrat	0,5 g/l
Natriumazid	0,15 g/l
Kanamycin	0,02 g/l
Agar	10,0 g/l

Nutrient-Agarplatten

Fleischextrakt	10,0 g/l
Peptone	10,0 g/l
Natriumchlorid	5,0 g/l
Agar	15,0 g/l

Sabouraud Glucose-Agarplatten

Mykologisches Pepton	10,0 g/l
Glucose	40,0 g/l
Gentamicin	0,1 g/l
Chloramphenicol	0,05 g/l
Agar	15,0 g/l

MSRV-Nährboden-Basis, modifiziert

Tryptose	4,59 g/l
Casein-Hydrolysat	4,59 g/l
Natriumchlorid	7,34 g/l
Kaliumdihydrogenphosphat	1,47 g/l
Magnesiumchlorid, wasserfrei	10,93 g/l
Malachitgrün	0,037 g/l
Agar	2,7 g/l

VE-Wasser	1 l
-----------	-----

MSRV-Selektiv-Supplement

Novobiocin	10 mg/500 ml
------------	--------------

Aqua Bi-Dest	2 ml
--------------	------

11.1.2 Zusammensetzung der Flüssigmedien

Difco Buffered Peptone Wasser

Peptone	10,0 g/l
Natriumchlorid	5,0 g/l
Dinatriumhydrogenphosphat	3,5 g/l
Kaliumdihydrogenphosphat	1,5 g/l

VE-Wasser	1,0 l
-----------	-------

Rappaport-Vassiliadis Flüssigmedium

Sojapepton	5,0 g/1,110 ml
Natriumchlorid	8,0 g/1,110 ml
Kaliumdihydrogenphosphat	1,6 g/1,110 ml
Magnesiumchlorid • 6 H ₂ O	40,0 g/1,110 ml
Malachitgrün	0,04 g/1,110 ml

VE-Wasser	1,0 l
-----------	-------

11.2 Ergebnistabellen

11.2.1 Ergebnisse der Fragebögen

Tabelle 6: Relative Häufigkeiten (%) der teilnehmenden Bestände aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

	Hobbyhalter	Züchter
Gesamt	41,86	58,14

Tabelle 7: Gesamtwerte der relativen Häufigkeiten (%) der Bestände mit Hühnern, Enten, Gänsen und anderen Studientieren sowie aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

	Hühner	Enten	Gänse	Andere	Gemischt
Gesamt	81,40	8,14	3,49	2,33	4,65
Hobbyhalter	86,11	8,33	2,78	2,78	0,00
Züchter	78,00	8,00	4,00	2,00	8,00

Tabelle 8: Gesamtwerte der relativen Häufigkeiten (%) der angewendeten Arzneimittel

	Antibiotika	Antiparasitika	Kokzidiostatika	Kokzidiose-Impfstoff
Gesamt	5,88	25,88	7,06	7,23

11.2.2 Ergebnisse der parasitologischen Untersuchungen

Tabelle 9: Relative Nachweishäufigkeiten (%) von Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial, aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten und mit gemischten Haltungen und aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

	Gesamt	Hühner	Enten	Gänse	Andere	Gemischt	Hobbyhalter	Züchter
<i>Coccidia</i>	72,94	76,81	28,57	66,67	100,00	75,00	75,00	71,43
<i>Heterakis</i> sp.	38,82	44,93	0,00	0,00	50,00	25,00	44,44	34,69
<i>Ascaridia</i> sp.	21,18	26,09	0,00	0,00	0,00	0,00	16,67	24,49
<i>Capillaria</i> sp.	58,82	65,22	0,00	66,67	0,00	75,00	66,67	53,06
<i>Cestoda</i>	4,71	5,80	0,00	0,00	0,00	0,00	2,78	6,12
<i>Cyathostoma bronchialis</i>	2,35	1,45	0,00	0,00	0,00	25,00	0,00	4,08
<i>Amidostomum anseris</i>	7,06	7,25	14,29	0,00	0,00	0,00	2,78	10,20
Spirurida	5,88	4,35	14,29	0,00	0,00	25,00	0,00	10,20

Tabelle 10: Relative Häufigkeiten (%) der Befallsintensitäten der diagnostizierten Endoparasitengruppen

(Gesamt: relative Häufigkeit positiver Kotproben für die jeweilige Erregergruppe; 1: vereinzelt Eier/Oozysten auf dem Objektträger; 2: 1-5 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 3: 5-10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 4: >10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 5: nicht mehr zählbare Anzahl)

	Gesamt	1	2	3	4	5
<i>Coccidia</i>	72,94	32,94	20,00	11,76	4,71	3,53
<i>Heterakis</i> sp.	38,82	17,65	14,12	2,35	4,71	0,00
<i>Ascaridia</i> sp.	21,18	9,41	9,41	1,18	1,18	0,00
<i>Capillaria</i> sp.	58,82	34,12	21,18	3,53	0,00	0,00
<i>Cestoda</i>	4,71	3,53	1,18	0,00	0,00	0,00
<i>Cyathostoma bronchialis</i>	2,35	1,18	1,18	0,00	0,00	0,00
<i>Amidostomum anseris</i>	7,06	5,88	1,18	0,00	0,00	0,00
Spirurida	5,88	2,35	2,35	1,18	0,00	0,00

Tabelle 11: Relative Häufigkeiten (%) der Befallsintensitäten der diagnostizierten Endoparasitengruppen aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

(H: Hobbyhalter; Z: Züchter; Gesamt: relative Häufigkeit positiver Kotproben für die jeweilige Erregergruppe; 1: vereinzelt Eier/Oozysten auf dem Objektträger; 2: 1-5 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 3: 5-10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 4: >10 Eier/Oozysten je Gesichtsfeld; 5: nicht mehr zählbare Anzahl)

	Gesamt	1	2	3	4	5
<i>Coccidia</i> - H	75,00	41,67	25,00	2,78	0,00	5,56
<i>Coccidia</i> - Z	71,43	26,53	16,33	18,37	8,16	2,04
<i>Heterakis</i> sp. - H	44,44	13,89	13,89	5,56	11,11	0,00
<i>Heterakis</i> sp. - Z	34,69	20,41	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Ascaridia</i> sp. - H	16,67	2,78	11,11	0,00	2,78	0,00
<i>Ascaridia</i> sp. - Z	24,49	14,29	8,16	2,04	0,00	0,00
<i>Capillaria</i> sp. - H	66,67	27,78	36,11	2,78	0,00	0,00
<i>Capillaria</i> sp. - Z	53,06	38,78	10,20	4,08	0,00	0,00
<i>Cestoda</i> - H	2,78	2,78	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Cestoda</i> - Z	6,12	4,08	2,04	0,00	0,00	0,00
<i>Cyathostoma bronchialis</i> - H	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Cyathostoma bronchialis</i> - Z	4,08	2,04	2,04	0,00	0,00	0,00
<i>Amidostomum anseris</i> - H	2,78	2,78	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Amidostomum anseris</i> - Z	10,20	8,16	2,04	0,00	0,00	0,00
Spirurida - H	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Spirurida - Z	10,20	4,08	4,08	2,04	0,00	0,00

Tabelle 12: Relative Häufigkeiten (%) vorkommender Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial sowie bei Einsatz von pharmazeutischen Stoffen

	Gesamt	Antibiotika	Antiparasitika	Kokzidiostatika	Kokzidiose-Impfstoff
<i>Coccidia</i>	72,94	80,00	80,95	83,33	83,33
<i>Heterakis</i> sp.	38,82	20,00	28,57	50,00	16,67
<i>Ascaridia</i> sp.	21,18	20,00	9,52	16,67	33,33
<i>Capillaria</i> sp.	58,82	60,00	52,38	66,67	33,33
<i>Cestoda</i>	4,71	20,00	9,52	33,33	0,00
<i>Cyathostoma bronchialis</i>	2,35	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Amidostomum anseris</i>	7,06	0,00	0,00	0,00	16,67
Spirurida	5,88	0,00	0,00	0,00	0,00

Tabelle 13: Relative Häufigkeiten (%) vorkommender Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial sowie bei Beständen mit Vorliegen von Symptomen

	Gesamt	Durchfall	Federpicken	Federverlust	Eierprobleme	Lahnheiten	Augen-/Nasenausfluss	Niesen	Atemgeräusche
<i>Coccidia</i>	72,94	76,47	100,00	75,00	90,00	100,00	0,00	50,00	61,54
<i>Heterakis</i> sp.	38,82	47,06	33,33	62,50	50,00	75,00	100,00	25,00	38,46
<i>Ascaridia</i> sp.	21,18	23,53	33,33	25,00	20,00	25,00	0,00	0,00	23,08
<i>Capillaria</i> sp.	58,82	58,82	33,33	62,50	60,00	75,00	100,00	75,00	61,54
<i>Cestoda</i>	4,71	5,88	33,33	0,00	30,00	25,00	0,00	25,00	7,69
<i>Cyathostoma bronchialis</i>	2,35	0,00	0,00	12,50	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Amidostomum anseris</i>	7,06	0,00	0,00	25,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
Spirurida	5,88	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Tabelle 14: Relative Häufigkeiten (%) vorkommender Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial sowie bei Beständen mit Vorliegen von Erkrankungen (NE: Nekrotisierende Enteritits)

	Gesamt	Aszites	NE	Mykoplasmosen	Parasitosen	Viruserkrankung
<i>Coccidia</i>	72,94	66,67	100,00	83,33	69,23	80,00
<i>Heterakis</i> sp.	38,82	33,33	0,00	33,33	23,08	0,00
<i>Ascaridia</i> sp.	21,18	0,00	0,00	16,67	15,38	0,00
<i>Capillaria</i> sp.	58,82	100,00	100,00	100,00	46,15	60,00
<i>Cestoda</i>	4,71	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Cyathostoma bronchialis</i>	2,35	0,00	0,00	16,67	0,00	0,00
<i>Amidostomum anseris</i>	7,06	0,00	0,00	0,00	23,08	0,00
Spirurida	5,88	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Tabelle 15: Relative Häufigkeiten (%) vorkommender Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial sowie bei Verwendung unterschiedlicher Futtermittel

	Gesamt	Körnerfutter	Pellets	Legemehl	Obst/Gemüse	Küchenabfälle	Oregano	Bierhefe	Milchprodukte
<i>Coccidia</i>	72,94	76,32	60,00	67,57	74,29	71,43	80,00	88,89	85,71
<i>Heterakis</i> sp.	38,82	42,11	0,00	45,95	42,86	42,86	20,00	22,22	0,00
<i>Ascaridia</i> sp.	21,18	22,37	0,00	29,73	24,29	16,67	20,00	11,11	0,00
<i>Capillaria</i> sp.	58,82	60,53	10,00	62,16	60,00	59,52	20,00	44,44	28,57
<i>Cestoda</i>	4,71	5,26	10,00	5,41	4,29	7,14	0,00	11,11	0,00
<i>Cyathostoma bronchialis</i>	2,35	2,63	0,00	5,41	2,86	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Amidostomum anseris</i>	7,06	7,89	0,00	16,22	7,14	11,90	0,00	0,00	0,00
Spirurida	5,88	3,95	10,00	8,11	4,29	4,76	0,00	0,00	0,00

11.2.3 Ergebnisse der bakteriologischen Untersuchungen

Tabelle 16: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern

	Gesamt	Hobbyhalter	Züchter
<i>Escherichia coli</i>	100,00	100,00	100,00
<i>Corynebacterium</i> sp.	76,74	83,33	72,00
<i>Enterococcus faecium</i>	68,60	63,89	72,00
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	53,49	50,00	56,00
<i>Lactobacillus salivarius</i>	50,00	58,33	44,00
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	46,51	55,56	40,00
<i>Enterobacter</i> sp.	44,19	38,89	48,00
<i>Proteus mirabilis</i>	41,86	52,78	34,00
<i>Bacillus</i> sp.	41,86	44,44	40,00
<i>Enterococcus faecalis</i>	37,21	44,44	32,00
<i>Clostridium perfringens</i>	31,40	38,89	26,00
<i>Enterococcus</i> sp.	24,42	19,44	28,00
<i>Lactobacillus</i> sp.	24,42	27,78	22,00
<i>Staphylococcus xylosus</i>	18,60	8,33	26,00
<i>Aerococcus viridans</i>	18,60	11,11	24,00
<i>Streptococcus</i> sp.	16,28	16,67	16,00
<i>Enterobacter cloacae</i>	12,79	11,11	14,00
<i>Klebsiella oxytoca</i>	11,63	11,11	12,00
<i>Enterococcus hirae</i>	11,63	5,56	16,00
<i>Enterococcus aquimarinus</i>	11,63	8,33	14,00
<i>Bacillus pumilus</i>	11,63	11,11	12,00
<i>Citrobacter</i> sp.	10,47	8,33	12,00
<i>Enterococcus cecorum</i>	10,47	5,56	14,00
<i>Lactobacillus agilis</i>	9,30	13,89	6,00
<i>Arthrobacter</i> sp.	9,30	13,89	6,00
<i>Alcaligenes faecalis</i>	8,14	5,56	10,00
<i>Enterococcus durans</i>	8,14	8,33	8,00
<i>Staphylococcus sciuri</i>	8,14	0,00	14,00
<i>Clostridium bifermentans</i>	8,14	16,67	2,00
<i>Proteus</i> sp.	6,98	5,56	8,00
<i>Enterococcus mundtii</i>	6,98	8,33	6,00
<i>Vagococcus fluvialis</i>	6,98	11,11	4,00
<i>Lysinibacillus</i> sp.	6,98	13,89	2,00
<i>Staphylococcus</i> sp.	6,98	5,56	8,00
<i>Acinetobacter</i> sp.	6,98	11,11	4,00
<i>Providencia stuartii</i>	5,81	2,78	8,00
<i>Clostridium tertium</i>	5,81	5,56	6,00

Fortsetzung Tabelle 16

	Gesamt	Hobbyhalter	Züchter
<i>Providencia rettgeri</i>	4,65	0,00	8,00
<i>Enterococcus columbae</i>	4,65	0,00	8,00
<i>Bacillus odysseyi</i>	4,65	2,78	6,00
<i>Cronobacter sakazakii</i>	3,49	2,78	4,00
<i>Klebsiella</i> sp.	3,49	2,78	4,00
<i>Alcaligenes</i> sp.	3,49	2,78	4,00
<i>Enterococcus gallinarum</i>	3,49	2,78	4,00
<i>Micrococcus</i> sp.	3,49	0,00	6,00
<i>Staphylococcus equorum</i>	3,49	0,00	6,00
<i>Clostridium baratii</i>	3,49	2,78	4,00
<i>Arthrobacter creatinolyticus</i>	3,49	2,78	4,00
<i>Leuconostoc</i> sp.	3,49	2,78	4,00
<i>Gallibacterium anatis</i>	2,33	5,56	0,00
<i>Rauoltella</i> sp.	2,33	2,78	2,00
<i>Raoultella ornitholytica</i>	2,33	5,56	0,00
<i>Lactobacillus ingluviei</i>	2,33	2,78	2,00
<i>Viridibacillus</i> sp.	2,33	5,56	0,00
<i>Staphylococcus lentus</i>	2,33	0,00	4,00
<i>Lactococcus garvieae</i>	2,33	5,56	0,00
<i>Escherichia</i> sp.	1,16	2,78	0,00
<i>Leclercia</i> sp.	1,16	2,78	0,00
<i>Hafnia alvei</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Enterobacter aerogenes</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Proteus vulgaris</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Providencia alcalifaciens</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Morganella morganii</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Corynebacterium glutamaticum</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Aeromonas</i> sp.	1,16	0,00	2,00
<i>Lactobacillus crispatus/ultunensis</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Lactobacillus kitasatonis/acidophilus/amylovorus/gallinarum</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Bacillus lentus</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Bacillus cereus</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Bacillus licheniformis</i>	1,16	0,00	2,00

Fortsetzung Tabelle 16

	Gesamt	Hobbyhalter	Züchter
<i>Lysinibacillus contaminans</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Brevibacillus borstelensis</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Brevibacterium</i> sp.	1,16	0,00	2,00
<i>Solibacillus silvestris</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Macrococcus caseolyticus</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Streptococcus</i> <i>gallolyticus/equinus/infantarius/</i> <i>lutetiensis</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Staphylococcus succinus</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Staphylococcus vitulinus</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Lactococcus</i> sp.	1,16	0,00	2,00
<i>Lactococcus lactis</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Clostridium</i> sp.	1,16	0,00	2,00
<i>Arthrobacter protophormiae</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Wautersiella falsenii</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Myroides odoratimimus</i>	1,16	2,78	0,00
<i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	1,16	0,00	2,00
<i>Propionibacterium acnes</i>	1,16	2,78	0,00

Tabelle 17: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie aufgetrennt nach Tiergruppen (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen)

	Gesamt	Hühner	Enten	Gänse	Andere	Gemischt
<i>Escherichia coli</i>	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
<i>Corynebacterium</i> sp.	76,74	77,14	71,43	100,00	100,00	50,00
<i>Enterococcus faecium</i>	68,60	68,57	57,14	66,67	100,00	75,00
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	53,49	52,86	42,86	33,33	50,00	100,00
<i>Lactobacillus salivarius</i>	50,00	58,57	0,00	0,00	50,00	25,00
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	46,51	42,86	57,14	100,00	100,00	25,00
<i>Enterobacter</i> sp.	44,19	44,29	71,43	66,67	0,00	0,00
<i>Proteus mirabilis</i>	41,86	44,29	42,86	33,33	0,00	25,00
<i>Bacillus</i> sp.	41,86	45,71	14,29	66,67	50,00	0,00
<i>Enterococcus faecalis</i>	37,21	42,86	0,00	0,00	0,00	50,00
<i>Clostridium perfringens</i>	31,40	32,86	14,29	33,33	0,00	50,00
<i>Enterococcus</i> sp.	24,42	18,57	57,14	33,33	50,00	50,00
<i>Lactobacillus</i> sp.	24,42	28,57	0,00	0,00	0,00	25,00
<i>Staphylococcus xylosus</i>	18,60	21,43	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Aerococcus viridans</i>	18,60	20,00	0,00	33,33	0,00	25,00
<i>Streptococcus</i> sp.	16,28	10,00	71,43	33,33	0,00	25,00
<i>Enterobacter cloacae</i>	12,79	8,57	42,86	0,00	0,00	50,00
<i>Klebsiella oxytoca</i>	11,63	11,43	28,57	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus hirae</i>	11,63	8,57	28,57	0,00	0,00	50,00
<i>Enterococcus aquimarinus</i>	11,63	10,00	14,29	66,67	0,00	0,00
<i>Bacillus pumilus</i>	11,63	10,00	0,00	33,33	100,00	0,00
<i>Citrobacter</i> sp.	10,47	10,00	14,29	0,00	50,00	0,00
<i>Enterococcus cecorum</i>	10,47	10,00	0,00	0,00	0,00	50,00
<i>Lactobacillus agilis</i>	9,30	11,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Arthrobacter</i> sp.	9,30	5,71	14,29	33,33	0,00	50,00
<i>Alcaligenes faecalis</i>	8,14	7,14	0,00	0,00	50,00	25,00
<i>Enterococcus durans</i>	8,14	8,57	0,00	0,00	0,00	25,00
<i>Staphylococcus sciuri</i>	8,14	10,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium bifermentans</i>	8,14	8,57	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Proteus</i> sp.	6,98	7,14	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus mundtii</i>	6,98	5,71	14,29	33,33	0,00	0,00
<i>Vagococcus fluvialis</i>	6,98	8,57	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lysinibacillus</i> sp.	6,98	7,14	0,00	0,00	50,00	0,00
<i>Staphylococcus</i> sp.	6,98	7,14	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Acinetobacter</i> sp.	6,98	2,86	28,57	0,00	50,00	25,00
<i>Providencia stuartii</i>	5,81	5,71	0,00	0,00	0,00	25,00
<i>Clostridium tertium</i>	5,81	1,43	28,57	66,67	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 17

	Gesamt	Hühner	Enten	Gänse	Andere	Gemischt
<i>Providencia rettgeri</i>	4,65	4,29	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus columbae</i>	4,65	4,29	0,00	0,00	0,00	25,00
<i>Bacillus odysseyi</i>	4,65	5,71	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Cronobacter sakazakii</i>	3,49	2,86	0,00	0,00	0,00	25,00
<i>Klebsiella</i> sp.	3,49	4,29	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Alcaligenes</i> sp.	3,49	2,86	0,00	33,33	0,00	0,00
<i>Enterococcus gallinarum</i>	3,49	4,29	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Micrococcus</i> sp.	3,49	4,29	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus equorum</i>	3,49	4,29	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium baratii</i>	3,49	4,29	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Arthrobacter creatinolyticus</i>	3,49	4,29	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Leuconostoc</i> sp.	3,49	2,86	0,00	33,33	0,00	0,00
<i>Gallibacterium anatis</i>	2,33	1,43	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Rauvolfia</i> sp.	2,33	0,00	28,57	0,00	0,00	0,00
<i>Raoultella ornitholytica</i>	2,33	2,86	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus ingluviei</i>	2,33	2,86	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Viridibacillus</i> sp.	2,33	2,86	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus lentus</i>	2,33	1,43	0,00	0,00	50,00	0,00
<i>Lactococcus garvieae</i>	2,33	1,43	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Escherichia</i> sp.	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Leclercia</i> sp.	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Hafnia alvei</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterobacter aerogenes</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Proteus vulgaris</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Providencia alcalifaciens</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Morganella morganii</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Aeromonas</i> sp.	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus crispatus/ultunensis</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus kitasatonis/acidophilus/amylovorus/gallinarum</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus lentus</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus cereus</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus licheniformis</i>	1,16	0,00	0,00	33,33	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 17

	Gesamt	Hühner	Enten	Gänse	Andere	Gemischt
<i>Lysinibacillus contaminans</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacillus borstelensis</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacterium</i> sp.	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Solibacillus silvestris</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Macrococcus caseolyticus</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Streptococcus gallolyticus/equinus/infantarius/lutetiensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	25,00
<i>Staphylococcus succinus</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus vitulinus</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	1,16	0,00	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	1,16	0,00	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus</i> sp.	1,16	0,00	0,00	33,33	0,00	0,00
<i>Lactococcus lactis</i>	1,16	0,00	14,29	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium</i> sp.	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Arthrobacter protophormiae</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	50,00	0,00
<i>Wautersiella falsenii</i>	1,16	0,00	0,00	33,33	0,00	0,00
<i>Myroides odoratimimus</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Propionibacterium acnes</i>	1,16	1,43	0,00	0,00	0,00	0,00

Tabelle 18: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei Einsatz von pharmazeutischen Stoffen

	Gesamt	Antibiotika	Antiparasitika	Kokzidiostatika	Kokzidiose-Impfstoff
<i>Escherichia coli</i>	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
<i>Corynebacterium</i> sp.	76,74	100,00	81,82	100,00	50,00
<i>Enterococcus faecium</i>	68,60	80,00	72,73	50,00	100,00
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	53,49	40,00	36,36	50,00	16,67
<i>Lactobacillus salivarius</i>	50,00	80,00	59,09	83,33	33,33
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	46,51	60,00	36,36	50,00	0,00
<i>Enterobacter</i> sp.	44,19	60,00	45,45	50,00	83,33
<i>Proteus mirabilis</i>	41,86	20,00	27,27	33,33	33,33
<i>Bacillus</i> sp.	41,86	60,00	54,55	33,33	50,00
<i>Enterococcus faecalis</i>	37,21	20,00	31,82	16,67	0,00
<i>Clostridium perfringens</i>	31,40	20,00	31,82	50,00	0,00
<i>Enterococcus</i> sp.	24,42	40,00	22,73	33,33	16,67
<i>Lactobacillus</i> sp.	24,42	0,00	31,82	33,33	16,67
<i>Staphylococcus xylosus</i>	18,60	40,00	13,64	16,67	50,00
<i>Aerococcus viridans</i>	18,60	20,00	18,18	33,33	33,33
<i>Streptococcus</i> sp.	16,28	40,00	9,09	33,33	0,00
<i>Enterobacter cloacae</i>	12,79	0,00	13,64	0,00	0,00
<i>Klebsiella oxytoca</i>	11,63	0,00	13,64	16,67	0,00
<i>Enterococcus hirae</i>	11,63	0,00	13,64	0,00	0,00
<i>Enterococcus aquimarinus</i>	11,63	0,00	18,18	0,00	0,00
<i>Bacillus pumilus</i>	11,63	0,00	22,73	16,67	0,00
<i>Citrobacter</i> sp.	10,47	20,00	9,09	0,00	0,00
<i>Enterococcus cecorum</i>	10,47	0,00	9,09	16,67	0,00
<i>Lactobacillus agilis</i>	9,30	0,00	13,64	0,00	0,00
<i>Arthrobacter</i> sp.	9,30	20,00	13,64	0,00	0,00
<i>Alcaligenes faecalis</i>	8,14	0,00	0,00	0,00	16,67
<i>Enterococcus durans</i>	8,14	20,00	18,18	16,67	0,00
<i>Staphylococcus sciuri</i>	8,14	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Clostridium bifermentans</i>	8,14	0,00	9,09	0,00	0,00
<i>Proteus</i> sp.	6,98	20,00	13,64	16,67	0,00
<i>Enterococcus mundtii</i>	6,98	0,00	13,64	16,67	0,00
<i>Vagococcus fluvialis</i>	6,98	0,00	4,55	16,67	16,67
<i>Lysinibacillus</i> sp.	6,98	20,00	9,09	0,00	0,00
<i>Staphylococcus</i> sp.	6,98	0,00	9,09	0,00	33,33
<i>Acinetobacter</i> sp.	6,98	20,00	13,64	0,00	0,00
<i>Providencia stuartii</i>	5,81	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium tertium</i>	5,81	20,00	13,64	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 18

	Gesamt	Antibiotika	Antiparasitika	Kokzidiostatika	Kokzidiose-Impfstoff
<i>Providencia rettgeri</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus columbae</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus odysseyi</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Cronobacter sakazakii</i>	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Klebsiella</i> sp.	3,49	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Alcaligenes</i> sp.	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus gallinarum</i>	3,49	0,00	4,55	16,67	0,00
<i>Micrococcus</i> sp.	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus equorum</i>	3,49	0,00	9,09	16,67	0,00
<i>Clostridium baratii</i>	3,49	0,00	4,55	16,67	0,00
<i>Arthrobacter creatinolyticus</i>	3,49	0,00	4,55	16,67	0,00
<i>Leuconostoc</i> sp.	3,49	0,00	4,55	16,67	0,00
<i>Gallibacterium anatis</i>	2,33	20,00	0,00	0,00	0,00
<i>Raoultella</i> sp.	2,33	0,00	9,09	0,00	0,00
<i>Raoultella ornitholytica</i>	2,33	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Lactobacillus ingluviei</i>	2,33	0,00	9,09	0,00	0,00
<i>Viridibacillus</i> sp.	2,33	20,00	9,09	0,00	0,00
<i>Staphylococcus lentus</i>	2,33	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus garvieae</i>	2,33	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Escherichia</i> sp.	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Leclercia</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Hafnia alvei</i>	1,16	20,00	4,55	0,00	0,00
<i>Enterobacter aerogenes</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Proteus vulgaris</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Providencia alcalifaciens</i>	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Morganella morganii</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Aeromonas</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus crispatus/ultunensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus kitasatonis/acidophilus/amylovorus/gallinarum</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	16,67
<i>Bacillus lentus</i>	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Bacillus cereus</i>	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Bacillus licheniformis</i>	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 18

	Gesamt	Antibiotika	Antiparasitika	Kokzidiostatika	Kokzidiose-Impfstoff
<i>Lysinibacillus contaminans</i>	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacillus borstelensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacterium</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	16,67
<i>Solibacillus silvestris</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Macrococcus caseolyticus</i>	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Streptococcus gallolyticus/equinus/infantarius/lutetiensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus succinus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus vitulinus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	1,16	20,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	1,16	20,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus</i> sp.	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Lactococcus lactis</i>	1,16	0,00	4,55	0,00	0,00
<i>Clostridium</i> sp.	1,16	0,00	4,55	16,67	0,00
<i>Arthrobacter protophormiae</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Wautersiella falsenii</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Myroides odoratimimus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Propionibacterium acnes</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00

Tabelle 19: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei Beständen mit Vorliegen von Symptomen (AG: Atemgeräusche)

	Gesamt	Durchfall	Federpicken	Federverlust	Eierprobleme	Lahmheiten	Augen-/Nasenausfluss	Niesen	AG
<i>Escherichia coli</i>	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
<i>Corynebacterium</i> sp.	76,74	83,33	100,00	87,50	80,00	100,00	100,00	100,00	92,31
<i>Enterococcus faecium</i>	68,60	72,22	66,67	100,00	50,00	75,00	100,00	50,00	76,92
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	53,49	38,89	66,67	37,50	40,00	25,00	0,00	75,00	53,85
<i>Lactobacillus salivarius</i>	50,00	77,78	100,00	62,50	80,00	75,00	100,00	75,00	69,23
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	46,51	50,00	33,33	37,50	60,00	75,00	100,00	50,00	61,54
<i>Enterobacter</i> sp.	44,19	27,78	33,33	12,50	30,00	25,00	0,00	75,00	53,85
<i>Proteus mirabilis</i>	41,86	55,56	33,33	50,00	70,00	75,00	100,00	50,00	53,85
<i>Bacillus</i> sp.	41,86	44,44	66,67	37,50	30,00	25,00	0,00	25,00	30,77
<i>Enterococcus faecalis</i>	37,21	55,56	0,00	37,50	70,00	50,00	0,00	25,00	30,77
<i>Clostridium perfringens</i>	31,40	38,89	66,67	50,00	50,00	25,00	100,00	25,00	46,15
<i>Enterococcus</i> sp.	24,42	11,11	33,33	25,00	20,00	0,00	0,00	50,00	30,77
<i>Lactobacillus</i> sp.	24,42	22,22	0,00	37,50	20,00	25,00	100,00	25,00	15,38
<i>Staphylococcus xylosus</i>	18,60	5,56	33,33	25,00	0,00	50,00	0,00	0,00	7,69
<i>Aerococcus viridans</i>	18,60	16,67	33,33	0,00	30,00	0,00	0,00	25,00	30,77
<i>Streptococcus</i> sp.	16,28	11,11	0,00	0,00	10,00	25,00	0,00	0,00	23,08
<i>Enterobacter cloacae</i>	12,79	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Klebsiella oxytoca</i>	11,63	16,67	0,00	0,00	10,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Enterococcus hirae</i>	11,63	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus aquimarinus</i>	11,63	11,11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Bacillus pumilus</i>	11,63	16,67	33,33	12,50	10,00	0,00	100,00	25,00	15,38
<i>Citrobacter</i> sp.	10,47	22,22	33,33	0,00	20,00	0,00	0,00	0,00	15,38
<i>Enterococcus cecorum</i>	10,47	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus agilis</i>	9,30	16,67	33,33	12,50	10,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Arthrobacter</i> sp.	9,30	11,11	33,33	12,50	10,00	25,00	0,00	0,00	0,00
<i>Alcaligenes faecalis</i>	8,14	0,00	0,00	12,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus durans</i>	8,14	16,67	66,67	12,50	20,00	0,00	0,00	25,00	7,69
<i>Staphylococcus sciuri</i>	8,14	0,00	33,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium bifermentans</i>	8,14	22,22	0,00	12,50	10,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Proteus</i> sp.	6,98	5,56	33,33	0,00	10,00	0,00	0,00	25,00	7,69
<i>Enterococcus mundtii</i>	6,98	0,00	0,00	12,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Vagococcus fluvialis</i>	6,98	16,67	0,00	25,00	10,00	25,00	100,00	25,00	7,69
<i>Lysinibacillus</i> sp.	6,98	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	25,00	15,38
<i>Staphylococcus</i> sp.	6,98	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Acinetobacter</i> sp.	6,98	5,56	0,00	12,50	0,00	25,00	0,00	0,00	0,00
<i>Providencia stuartii</i>	5,81	5,56	0,00	12,50	10,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Clostridium tertium</i>	5,81	5,56	0,00	0,00	0,00	25,00	0,00	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 19

	Gesamt	Durchfall	Federpicken	Federverlust	Eierprobleme	Lahmheiten	Augen-/Nasenausfluss	Niesen	AG
<i>Providencia rettgeri</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus columbae</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus odysseyi</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Cronobacter sakazakii</i>	3,49	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Klebsiella</i> sp.	3,49	5,56	33,33	12,50	10,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Alcaligenes</i> sp.	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus gallinarum</i>	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Micrococcus</i> sp.	3,49	0,00	33,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus equorum</i>	3,49	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Clostridium baratii</i>	3,49	0,00	0,00	25,00	10,00	0,00	100,00	25,00	15,38
<i>Arthrobacter creatinolyticus</i>	3,49	5,56	0,00	0,00	10,00	0,00	0,00	0,00	15,38
<i>Leuconostoc</i> sp.	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Gallibacterium anatis</i>	2,33	0,00	0,00	0,00	0,00	25,00	0,00	0,00	0,00
<i>Rauvolfia</i> sp.	2,33	0,00	0,00	12,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Rauvolfia ornitholytica</i>	2,33	11,11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus ingluviei</i>	2,33	11,11	33,33	12,50	10,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Viridibacillus</i> sp.	2,33	11,11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Staphylococcus lentus</i>	2,33	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus garvieae</i>	2,33	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Escherichia</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Leclercia</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Hafnia alvei</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Enterobacter aerogenes</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Proteus vulgaris</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Providencia alcalifaciens</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Morganella morganii</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	10,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Aeromonas</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus crispatus/ultunensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus kitasatonis/acidophilus/amylovorus/gallinarum</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus lentus</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Bacillus cereus</i>	1,16	5,56	33,33	12,50	10,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus licheniformis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 19

	Gesamt	Durchfall	Federpicken	Federverlust	Eierprobleme	Lahnheiten	Augen-/Nasenausfluss	Niesen	AG
<i>Lysinibacillus contaminans</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	1,16	0,00	0,00	12,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacillus borstelensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacterium</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Solibacillus silvestris</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Macrococcus caseolyticus</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Streptococcus gallolyticus/equinus/infantarius/lutetiensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus succinus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus vitulinus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	25,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	25,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus lactis</i>	1,16	0,00	0,00	12,50	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	7,69
<i>Arthrobacter protophormiae</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Wautersiella falsenii</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Myroides odoratimimus</i>	1,16	5,56	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Propionibacterium acnes</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Tabelle 20: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei Beständen mit Vorliegen von Erkrankungen (NE: Nekrotisierende Enteritits)

	Gesamt	Aszites	NE	Mycoplasmen	Parasitosen	Viruserkrankung
<i>Escherichia coli</i>	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
<i>Corynebacterium</i> sp.	76,74	100,00	100,00	66,67	76,92	100,00
<i>Enterococcus faecium</i>	68,60	66,67	100,00	83,33	76,92	80,00
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	53,49	100,00	50,00	66,67	46,15	80,00
<i>Lactobacillus salivarius</i>	50,00	66,67	100,00	66,67	46,15	20,00
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	46,51	33,33	0,00	33,33	23,08	20,00
<i>Enterobacter</i> sp.	44,19	66,67	0,00	33,33	46,15	40,00
<i>Proteus mirabilis</i>	41,86	33,33	50,00	33,33	38,46	100,00
<i>Bacillus</i> sp.	41,86	100,00	100,00	33,33	38,46	80,00
<i>Enterococcus faecalis</i>	37,21	66,67	50,00	50,00	30,77	60,00
<i>Clostridium perfringens</i>	31,40	33,33	100,00	50,00	38,46	60,00
<i>Enterococcus</i> sp.	24,42	0,00	50,00	66,67	30,77	40,00
<i>Lactobacillus</i> sp.	24,42	33,33	0,00	33,33	15,38	20,00
<i>Staphylococcus xylosus</i>	18,60	0,00	0,00	0,00	7,69	20,00
<i>Aerococcus viridans</i>	18,60	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Streptococcus</i> sp.	16,28	0,00	50,00	33,33	15,38	0,00
<i>Enterobacter cloacae</i>	12,79	0,00	0,00	16,67	7,69	0,00
<i>Klebsiella oxytoca</i>	11,63	0,00	0,00	0,00	15,38	20,00
<i>Enterococcus hirae</i>	11,63	0,00	0,00	16,67	0,00	0,00
<i>Enterococcus aquimarinus</i>	11,63	0,00	0,00	0,00	7,69	20,00
<i>Bacillus pumilus</i>	11,63	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Citrobacter</i> sp.	10,47	0,00	50,00	16,67	23,08	20,00
<i>Enterococcus cecorum</i>	10,47	0,00	0,00	33,33	0,00	0,00
<i>Lactobacillus agilis</i>	9,30	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Arthrobacter</i> sp.	9,30	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Alcaligenes faecalis</i>	8,14	0,00	0,00	0,00	7,69	20,00
<i>Enterococcus durans</i>	8,14	0,00	0,00	16,67	15,38	0,00
<i>Staphylococcus sciuri</i>	8,14	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium bifermentans</i>	8,14	0,00	0,00	16,67	7,69	20,00
<i>Proteus</i> sp.	6,98	33,33	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Enterococcus mundtii</i>	6,98	0,00	0,00	0,00	0,00	20,00
<i>Vagococcus fluvialis</i>	6,98	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lysinibacillus</i> sp.	6,98	0,00	50,00	33,33	7,69	0,00
<i>Staphylococcus</i> sp.	6,98	33,33	50,00	0,00	23,08	20,00
<i>Acinetobacter</i> sp.	6,98	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Providencia stuartii</i>	5,81	0,00	0,00	0,00	0,00	20,00
<i>Clostridium tertium</i>	5,81	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 20

	Gesamt	Aszites	NE	Mycoplasmen	Parasitosen	Viruserkrankung
<i>Providencia rettgeri</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus columbae</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus odysseyi</i>	4,65	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Cronobacter sakazakii</i>	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Klebsiella</i> sp.	3,49	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Alcaligenes</i> sp.	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus gallinarum</i>	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Micrococcus</i> sp.	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus equorum</i>	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium baratii</i>	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Arthrobacter creatinolyticus</i>	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Leuconostoc</i> sp.	3,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Gallibacterium anatis</i>	2,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Raoultella</i> sp.	2,33	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Raoultella ornitholytica</i>	2,33	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Lactobacillus ingluviei</i>	2,33	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Viridibacillus</i> sp.	2,33	33,33	100,00	16,67	15,38	20,00
<i>Staphylococcus lentus</i>	2,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus garvieae</i>	2,33	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Escherichia</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Leclercia</i> sp.	1,16	33,33	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Hafnia alvei</i>	1,16	0,00	50,00	16,67	7,69	0,00
<i>Enterobacter aerogenes</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Proteus vulgaris</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Providencia alcalifaciens</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Morganella morganii</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Aeromonas</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus crispatus/ultunensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus kitasatonis/acidophilus/amylovorus/gallinarum</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus lentus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	7,69	20,00
<i>Bacillus cereus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Bacillus licheniformis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 20

	Gesamt	Aszites	NE	Mycoplasmen	Parasitosen	Viruserkrankung
<i>Lysinibacillus contaminans</i>	1,16	33,33	50,00	0,00	7,69	20,00
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	20,00
<i>Brevibacillus borstelensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacterium</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Solibacillus silvestris</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Macrococcus caseolyticus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	7,69	20,00
<i>Streptococcus gallolyticus/equinus/infantis/lutetiensis</i>	1,16	0,00	0,00	16,67	0,00	0,00
<i>Staphylococcus succinus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1,16	33,33	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus vitulinus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus lactis</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	7,69	0,00
<i>Clostridium</i> sp.	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Arthrobacter protophormiae</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Wautersiella falsenii</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Myroides odoratimimus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Propionibacterium acnes</i>	1,16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

Tabelle 21: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei Verwendung unterschiedlicher Futtermittel (MP: Milchprodukte)

	Gesamt	Körnerfutter	Pellets	Legemehl	Obst/Gemüse	Küchenabfälle	Oregano	Bierhefe	MP
<i>Escherichia coli</i>	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
<i>Corynebacterium</i> sp.	76,74	77,92	80,00	83,78	76,06	78,57	66,67	60,00	85,71
<i>Enterococcus faecium</i>	68,60	68,83	70,00	75,68	73,24	61,90	83,33	70,00	71,43
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	53,49	57,14	30,00	59,46	50,70	54,76	33,33	20,00	42,86
<i>Lactobacillus salivarius</i>	50,00	54,55	30,00	51,35	53,52	52,38	66,67	50,00	28,57
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	46,51	42,86	60,00	43,24	43,66	52,38	33,33	30,00	57,14
<i>Enterobacter</i> sp.	44,19	40,26	80,00	32,43	42,25	45,24	50,00	70,00	57,14
<i>Proteus mirabilis</i>	41,86	41,56	40,00	40,54	43,66	42,86	33,33	30,00	42,86
<i>Bacillus</i> sp.	41,86	41,56	30,00	35,14	39,44	47,62	33,33	40,00	71,43
<i>Enterococcus faecalis</i>	37,21	40,26	10,00	32,43	42,25	50,00	33,33	50,00	28,57
<i>Clostridium perfringens</i>	31,40	32,47	10,00	29,73	35,21	33,33	33,33	30,00	14,29
<i>Enterococcus</i> sp.	24,42	23,38	50,00	21,62	22,54	23,81	33,33	10,00	28,57
<i>Lactobacillus</i> sp.	24,42	25,97	10,00	21,62	28,17	23,81	50,00	40,00	0,00
<i>Staphylococcus xylosus</i>	18,60	15,58	0,00	21,62	15,49	11,90	0,00	20,00	42,86
<i>Aerococcus viridans</i>	18,60	20,78	20,00	21,62	15,49	23,81	16,67	20,00	28,57
<i>Streptococcus</i> sp.	16,28	14,29	20,00	16,22	15,49	21,43	33,33	20,00	0,00
<i>Enterobacter cloacae</i>	12,79	10,39	30,00	13,51	11,27	4,76	0,00	0,00	0,00
<i>Klebsiella oxytoca</i>	11,63	10,39	10,00	10,81	11,27	14,29	0,00	0,00	14,29
<i>Enterococcus hirae</i>	11,63	10,39	20,00	13,51	11,27	4,76	16,67	10,00	0,00
<i>Enterococcus aquimarinus</i>	11,63	7,79	30,00	10,81	9,86	2,38	16,67	10,00	0,00
<i>Bacillus pumilus</i>	11,63	9,09	40,00	10,81	11,27	7,14	16,67	10,00	28,57
<i>Citrobacter</i> sp.	10,47	11,69	10,00	13,51	9,86	11,90	0,00	0,00	28,57
<i>Enterococcus cecorum</i>	10,47	10,39	0,00	16,22	11,27	2,38	16,67	10,00	0,00
<i>Lactobacillus agilis</i>	9,30	10,39	0,00	5,41	11,27	14,29	16,67	10,00	0,00
<i>Arthrobacter</i> sp.	9,30	9,09	0,00	13,51	9,86	7,14	16,67	10,00	0,00
<i>Alcaligenes faecalis</i>	8,14	9,09	10,00	8,11	9,86	9,52	0,00	0,00	28,57
<i>Enterococcus durans</i>	8,14	9,09	10,00	8,11	8,45	9,52	33,33	20,00	0,00
<i>Staphylococcus sciuri</i>	8,14	6,49	10,00	13,51	7,04	4,76	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium bifermentans</i>	8,14	9,09	0,00	0,00	9,86	14,29	50,00	30,00	0,00
<i>Proteus</i> sp.	6,98	7,79	10,00	5,41	5,63	9,52	16,67	10,00	0,00
<i>Enterococcus mundtii</i>	6,98	5,19	20,00	2,70	5,63	4,76	0,00	0,00	0,00
<i>Vagococcus fluvialis</i>	6,98	7,79	0,00	10,81	7,04	9,52	0,00	0,00	0,00
<i>Lysinibacillus</i> sp.	6,98	6,49	20,00	0,00	7,04	9,52	0,00	0,00	14,29
<i>Staphylococcus</i> sp.	6,98	6,49	0,00	5,41	7,04	9,52	0,00	0,00	0,00
<i>Acinetobacter</i> sp.	6,98	6,49	20,00	5,41	8,45	7,14	33,33	10,00	14,29
<i>Providencia stuartii</i>	5,81	5,19	0,00	10,81	5,63	4,76	0,00	0,00	0,00
<i>Clostridium tertium</i>	5,81	2,60	20,00	2,70	5,63	2,38	16,67	10,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 21

	Gesamt	Körnerfutter	Pellets	Legemehl	Obst/Gemüse	Küchenabfälle	Oregano	Bierhefe	MP
<i>Providencia rettgeri</i>	4,65	5,19	0,00	10,81	2,82	9,52	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus columbae</i>	4,65	3,90	0,00	5,41	4,23	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus odysseyi</i>	4,65	3,90	0,00	5,41	2,82	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Cronobacter sakazakii</i>	3,49	3,90	0,00	5,41	4,23	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Klebsiella</i> sp.	3,49	3,90	0,00	8,11	4,23	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Alcaligenes</i> sp.	3,49	2,60	0,00	5,41	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Enterococcus gallinarum</i>	3,49	3,90	0,00	5,41	2,82	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Micrococcus</i> sp.	3,49	3,90	0,00	8,11	4,23	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus equorum</i>	3,49	3,90	0,00	5,41	2,82	2,38	16,67	10,00	0,00
<i>Clostridium baratii</i>	3,49	3,90	0,00	5,41	4,23	2,38	0,00	10,00	0,00
<i>Arthrobacter creatinolyticus</i>	3,49	3,90	10,00	2,70	4,23	4,76	0,00	0,00	14,29
<i>Leuconostoc</i> sp.	3,49	3,90	0,00	5,41	2,82	4,76	0,00	0,00	0,00
<i>Gallibacterium anatis</i>	2,33	1,30	0,00	2,70	2,82	4,76	0,00	0,00	0,00
<i>Raoultella</i> sp.	2,33	1,30	20,00	0,00	2,82	0,00	16,67	0,00	0,00
<i>Raoultella ornitholytica</i>	2,33	2,60	0,00	0,00	2,82	4,76	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus ingluviei</i>	2,33	2,60	0,00	2,70	2,82	2,38	16,67	10,00	0,00
<i>Viridibacillus</i> sp.	2,33	2,60	0,00	0,00	2,82	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus lentus</i>	2,33	2,60	0,00	5,41	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus garvieae</i>	2,33	2,60	0,00	0,00	2,82	4,76	16,67	10,00	0,00
<i>Escherichia</i> sp.	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Leclercia</i> sp.	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Hafnia alvei</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Enterobacter aerogenes</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Proteus vulgaris</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	0,00	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Providencia alcalifaciens</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	0,00	16,67	10,00	0,00
<i>Morganella morganii</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,16	1,30	10,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	14,29
<i>Aeromonas</i> sp.	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus crispatus/ultunensis</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactobacillus kitasatonis/acidophilus/amylovorus/gallinarum</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus lentus</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus cereus</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Bacillus licheniformis</i>	1,16	0,00	10,00	0,00	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00

Fortsetzung Tabelle 21

	Gesamt	Körnerfutter	Pellets	Legemehl	Obst/Gemüse	Küchenabfälle	Oregano	Bierhefe	MP
<i>Lysinibacillus contaminans</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacillus borstelensis</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Brevibacterium</i> sp.	1,16	1,30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	10,00	14,29
<i>Solibacillus silvestris</i>	1,16	0,00	0,00	2,70	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Macrococcus caseolyticus</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Streptococcus gallolyticus/equinus/infantarius/lutetiensis</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus succinus</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus vitulinus</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	1,16	0,00	0,00	2,70	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	1,16	0,00	0,00	2,70	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus</i> sp.	1,16	0,00	10,00	0,00	1,41	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Lactococcus lactis</i>	1,16	1,30	10,00	0,00	1,41	0,00	16,67	0,00	0,00
<i>Clostridium</i> sp.	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Arthrobacter protophormiae</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Wautersiella falsenii</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Myroides odoratimimus</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i>	1,16	0,00	0,00	2,70	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	1,16	1,30	0,00	2,70	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00
<i>Propionibacterium acnes</i>	1,16	1,30	0,00	0,00	1,41	2,38	0,00	0,00	0,00

Tabelle 22: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei vorhandenem Gewässer

	Gesamt	Gewässer
<i>Escherichia coli</i>	100,00	100,00
<i>Corynebacterium</i> sp.	76,74	81,82
<i>Enterococcus faecium</i>	68,60	90,91
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	53,49	45,45
<i>Lactobacillus salivarius</i>	50,00	63,64
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	46,51	36,36
<i>Enterobacter</i> sp.	44,19	36,36
<i>Proteus mirabilis</i>	41,86	18,18
<i>Bacillus</i> sp.	41,86	45,45
<i>Enterococcus faecalis</i>	37,21	27,27
<i>Clostridium perfringens</i>	31,40	27,27
<i>Enterococcus</i> sp.	24,42	18,18
<i>Lactobacillus</i> sp.	24,42	27,27
<i>Staphylococcus xylosus</i>	18,60	18,18
<i>Aerococcus viridans</i>	18,60	9,09
<i>Streptococcus</i> sp.	16,28	27,27
<i>Enterobacter cloacae</i>	12,79	0,00
<i>Klebsiella oxytoca</i>	11,63	0,00
<i>Enterococcus hirae</i>	11,63	9,09
<i>Enterococcus aquimarinus</i>	11,63	18,18
<i>Bacillus pumilus</i>	11,63	9,09
<i>Citrobacter</i> sp.	10,47	0,00
<i>Enterococcus cecorum</i>	10,47	9,09
<i>Lactobacillus agilis</i>	9,30	27,27
<i>Arthrobacter</i> sp.	9,30	27,27
<i>Alcaligenes faecalis</i>	8,14	9,09
<i>Enterococcus durans</i>	8,14	27,27
<i>Staphylococcus sciuri</i>	8,14	0,00
<i>Clostridium bifermentans</i>	8,14	27,27
<i>Proteus</i> sp.	6,98	18,18
<i>Enterococcus mundtii</i>	6,98	0,00
<i>Vagococcus fluvialis</i>	6,98	0,00
<i>Lysinibacillus</i> sp.	6,98	0,00
<i>Staphylococcus</i> sp.	6,98	0,00
<i>Acinetobacter</i> sp.	6,98	27,27
<i>Providencia stuartii</i>	5,81	0,00
<i>Clostridium tertium</i>	5,81	18,18

Fortsetzung Tabelle 22

	Gesamt	Gewässer
<i>Providencia rettgeri</i>	4,65	0,00
<i>Enterococcus columbae</i>	4,65	0,00
<i>Bacillus odyseeyi</i>	4,65	9,09
<i>Cronobacter sakazakii</i>	3,49	0,00
<i>Klebsiella</i> sp.	3,49	9,09
<i>Alcaligenes</i> sp.	3,49	0,00
<i>Enterococcus gallinarum</i>	3,49	0,00
<i>Micrococcus</i> sp.	3,49	0,00
<i>Staphylococcus equorum</i>	3,49	9,09
<i>Clostridium baratii</i>	3,49	9,09
<i>Arthrobacter creatinolyticus</i>	3,49	0,00
<i>Leuconostoc</i> sp.	3,49	0,00
<i>Gallibacterium anatis</i>	2,33	9,09
<i>Rauoltella</i> sp.	2,33	9,09
<i>Raoultella ornitholytica</i>	2,33	0,00
<i>Lactobacillus ingluviei</i>	2,33	18,18
<i>Viridibacillus</i> sp.	2,33	0,00
<i>Staphylococcus lentus</i>	2,33	0,00
<i>Lactococcus garvieae</i>	2,33	9,09
<i>Escherichia</i> sp.	1,16	9,09
<i>Leclercia</i> sp.	1,16	0,00
<i>Hafnia alvei</i>	1,16	0,00
<i>Enterobacter aerogenes</i>	1,16	0,00
<i>Proteus vulgaris</i>	1,16	0,00
<i>Providencia alcalifaciens</i>	1,16	9,09
<i>Morganella morganii</i>	1,16	0,00
<i>Corynebacterium glutamaticum</i>	1,16	0,00
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,16	0,00
<i>Aeromonas</i> sp.	1,16	0,00
<i>Lactobacillus crispatus/ultunensis</i>	1,16	0,00
<i>Lactobacillus kitasatonis/acidophilus/amylovorus/gallinarum</i>	1,16	0,00
<i>Bacillus lentus</i>	1,16	0,00
<i>Bacillus cereus</i>	1,16	9,09
<i>Bacillus licheniformis</i>	1,16	0,00

Fortsetzung Tabelle 22

	Gesamt	Gewässer
<i>Lysinibacillus contaminans</i>	1,16	0,00
<i>Lysinibacillus sphaericus</i>	1,16	0,00
<i>Brevibacillus borstelensis</i>	1,16	0,00
<i>Brevibacterium</i> sp.	1,16	0,00
<i>Solibacillus silvestris</i>	1,16	0,00
<i>Macrococcus caseolyticus</i>	1,16	0,00
<i>Streptococcus</i> <i>gallolyticus/equinus/infan-</i> <i>tarius/lutetiensis</i>	1,16	0,00
<i>Staphylococcus succinus</i>	1,16	0,00
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	1,16	0,00
<i>Staphylococcus vitulinus</i>	1,16	0,00
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	1,16	9,09
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	1,16	9,09
<i>Lactococcus</i> sp.	1,16	0,00
<i>Lactococcus lactis</i>	1,16	9,09
<i>Clostridium</i> sp.	1,16	0,00
<i>Arthrobacter protophormiae</i>	1,16	0,00
<i>Wautersiella falsenii</i>	1,16	0,00
<i>Myroides odoratimimus</i>	1,16	0,00
<i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i>	1,16	0,00
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	1,16	0,00
<i>Propionibacterium acnes</i>	1,16	0,00

XII. Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Kokzidienoozysten (400 x vergrößert)	2
Abbildung 2: <i>Heterakis</i> spp. (400 x vergrößert)	4
Abbildung 3: <i>Ascaridia</i> spp. (400 x vergrößert)	5
Abbildung 4: <i>Capillaria</i> spp. (400 x vergrößert)	6
Abbildung 5: <i>Cyathostoma bronchialis</i> (400 x vergrößert)	7
Abbildung 6: <i>Amidostomum anseris</i> (400x vergrößert)	8
Abbildung 7: Spirurida (400x vergrößert)	9
Abbildung 8: <i>Cestoda</i> (400 x vergrößert)	10
Abbildung 9: Fragebogen Teil I	36
Abbildung 10: Fragebogen Teil II	37
Abbildung 11: Fragebogen Teil III	37
Abbildung 12: Herkunft der Studienteilnehmer	38
Abbildung 13: Kokzidienoozysten (100 x vergrößert); Befallsintensität ++++ (5)	49
Abbildung 14: MSP 96 target ground steel	52
Abbildung 15: Bedeutung der Score Values	54
Abbildung 16: Verteilung der teilnehmenden Bestände	60
Abbildung 17: Relative Häufigkeit der Bestände mit Hühnern, Enten, Gänsen und anderen Studientieren	61
Abbildung 18: Boxplot zur Stallgröße je Tier in qm	62
Abbildung 19: Boxplot zur Weidengröße je Tier in qm	62
Abbildung 20: Relative Häufigkeit der Anwendung von Arzneimitteln	63
Abbildung 21: Relative Nachweishäufigkeiten von Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial	67
Abbildung 22: Anteil der Bestände (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen) mit nachgewiesenen Parasiten (die Parasiten sind nach Erregergruppen zusammengefasst)	69
Abbildung 23: Relative Häufigkeiten der vorkommenden Endoparasitengruppen aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern	70
Abbildung 24: Befallsintensitäten der diagnostizierten Endoparasitengruppen	71
Abbildung 25: Befallsintensitäten der 3 am häufigsten diagnostizierten Endoparasitengruppen aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern	72
Abbildung 26: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten vorkommender Endoparasitengruppen bei Einsatz von pharmazeutischen Stoffen	73
Abbildung 27: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten vorkommender Endoparasitengruppen bei Beständen mit Vorliegen von Symptomen	74
Abbildung 28: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten vorkommender Endoparasitengruppen bei Beständen mit Vorliegen von Erkrankungen	75
Abbildung 29: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten vorkommender Endoparasitengruppen bei Verwendung unterschiedlicher Futtermittel	76
Abbildung 30: Relative Nachweishäufigkeiten der 11 am häufigsten isolierten Bakterien im gesamten Probenmaterial	78
Abbildung 31: Relative Häufigkeiten der 11 meistdiagnostizierten Bakterien in aufsteigender Reihenfolge aufgetrennt nach Tiergruppen (aufgegliedert in Hühner-,	80

Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen)	80
Abbildung 32: Relative Häufigkeiten einiger potentiell geflügelpathogener Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen).....	82
Abbildung 33: Relative Häufigkeiten einiger potentiell geflügelpathogener Bakterien aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern.....	84
Abbildung 34: Relative Häufigkeiten einiger potentiell humanpathogener Bakterien aufgetrennt nach Tiergruppen (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen).....	86
Abbildung 35: Relative Häufigkeiten einiger potentiell humanpathogener Bakterien aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern.....	88
Abbildung 36: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten ausgewählter Bakterien bei Einsatz von Arzneimitteln	90
Abbildung 37: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten ausgewählter Bakterien bei Vorliegen von Symptomen.....	91
Abbildung 38: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten ausgewählter Bakterien bei Vorliegen von Erkrankungen	93
Abbildung 39: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten ausgewählter Bakterien bei Verwendung unterschiedlicher Futtermittel	94
Abbildung 40: Heatmap zu den relativen Häufigkeiten 9 der 11 meistdiagnostiziertesten Bakterien bei Zugang zu Gewässer	95
Abbildung 41: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen der diagnostisierten Enterokokken mit 5 Endoparasitengruppen	98
Abbildung 42: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen der diagnostisierten Staphylokokken und Mikrokokken mit 5 Endoparasitengruppen.....	99
Abbildung 43: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen der diagnostisierten Clostridien und der nicht näher differenzierten Spezies der Gattungen <i>Streptococcus</i> und <i>Corynebacterium</i> mit 5 Endoparasitengruppen.....	100
Abbildung 44: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen der diagnostisierten Bazillen und Laktobazillen mit 5 Endoparasitengruppen	101
Abbildung 45: Heatmap zum gemeinsamen Vorkommen einiger Enterobacteriaceae mit 5 Endoparasitengruppen	102

XIII. Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Herkunft der Studientiere: Zuordnung zu Hobbyhaltern sowie Züchtern	61
Tabelle 2: Anzahl der Bestände mit vorhandenen Symptomen aufgeteilt nach Hobbyhaltern und Züchtern.....	64
Tabelle 3: Anzahl der Bestände mit vorhandenen Erkrankungen aufgeteilt nach Hobbyhaltern und Züchtern.....	64
Tabelle 4: Einsatz von Futtermitteln durch Hobbyhalter und Züchter	65
Tabelle 5: Relative Häufigkeiten diagnostizierter Erregergruppen je Kotprobe	67
Tabelle 6: Relative Häufigkeiten (%) der teilnehmenden Bestände aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern.....	152
Tabelle 7: Gesamtwerte der relativen Häufigkeiten (%) der Bestände mit Hühnern, Enten, Gänsen und anderen Studientieren sowie aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern.....	152
Tabelle 8: Gesamtwerte der relativen Häufigkeiten (%) der angewendeten Arzneimittel ...	152
Tabelle 9: Relative Nachweishäufigkeiten (%) von Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial, aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten und mit gemischten Haltungen und aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern.....	153
Tabelle 10: Relative Häufigkeiten (%) der Befallsintensitäten der diagnostizierten Endoparasitengruppen	153
Tabelle 11: Relative Häufigkeiten (%) der Befallsintensitäten der diagnostizierten Endoparasitengruppen aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern	154
Tabelle 12: Relative Häufigkeiten (%) vorkommender Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial sowie bei Einsatz von pharmazeutischen Stoffen.....	154
Tabelle 13: Relative Häufigkeiten (%) vorkommender Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial sowie bei Beständen mit Vorliegen von Symptomen	155
Tabelle 14: Relative Häufigkeiten (%) vorkommender Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial sowie bei Beständen mit Vorliegen von Erkrankungen	155
Tabelle 15: Relative Häufigkeiten (%) vorkommender Endoparasitengruppen im gesamten Probenmaterial sowie bei Verwendung unterschiedlicher Futtermittel	155
Tabelle 16: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie aufgetrennt nach Hobbyhaltern und Züchtern.....	156
Tabelle 17: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie aufgetrennt nach Tiergruppen (aufgegliedert in Hühner-, Enten-, Gänsebestände sowie Bestände mit anderen Geflügelarten sowie mit gemischten Haltungen)	159
Tabelle 18: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei Einsatz von pharmazeutischen Stoffen.....	162
Tabelle 19: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei Beständen mit Vorliegen von Symptomen	165
Tabelle 20: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei Beständen mit Vorliegen von Erkrankungen	168
Tabelle 21: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei Verwendung unterschiedlicher Futtermittel	171
Tabelle 22: Relative Nachweishäufigkeiten (%) aller Bakterienisolate aus dem gesamten Probenmaterial sowie bei vorhandenem Gewässer	174

XIV. Danksagung

Zuerst möchte ich mich bei meinem Doktorvater, Herrn Prof. Dr. Rüdiger T. Korbel für die Überlassung dieses spannenden Themas bedanken.

Dem Leiter des Lehrstuhls für Bakteriologie und Mykologie, Herrn Prof. Dr. Reinhard K. Straubinger sowie insbesondere Dr. Georg Wolf und seinen Mitarbeitern gilt mein besonderer Dank für die Unterstützung bei der Auswertung meiner Proben mittels MALDI-TOF MS.

Für die statistische Auswertung meiner Ergebnisse möchte ich den Mitarbeitern des Statistischen Beratungslabors der LMU München, vor allem Frau Dr. Veronika Deffner, Frau Noemi Castelletti und Herrn Martin Borkovec herzlich danken.

Ohne Teilnehmer wäre die Durchführung meiner Dissertationsstudie unmöglich gewesen. Daher möchte ich mich bei allen Geflügelhaltern für Ihr geschenktes Vertrauen und Ihre Teilnahme an meiner Studie von Herzen bedanken. Ich wünsche allen Teilnehmern weiterhin viel Freude an der Geflügelhaltung und viel Erfolg bei den kommenden Zuchtdurchgängen.

Aus der Klinik für Vögel, Kleinsäuger, Reptilien und Amphibien geht ein großes Dankeschön an Frau Dr. Monika Rinder für das stets offene Ohr sowie die hervorragende Korrekturarbeit. Ebenso gilt mein besonderer Dank Frau Dr. Susanne Thiel, deren Hilfe neben den fachlichen Hinweisen vor allem bei der Studienplanung und bei der Kontaktaufnahme zu potentiellen Teilnehmern unverzichtbar war.

Den technischen Mitarbeiterinnen des bakteriologischen Labors, insbesondere Frau Hohenleitner und Frau Fellner, möchte ich für die Einarbeitung in bakteriologische Fragestellungen, für die Materialbeschaffung und für den stets herzlichen Umgang trotz teils geruchsintensivem Probenmaterials danken.

Außerdem möchte ich mich bei Frau Martina Rzepka bedanken, die mich mit Ihrer Begeisterung für Parasitologie angesteckt und mir Ihr Wissen weitergegeben hat.

Ich danke meiner Familie und meinen Freunden von nah und fern für die Unterstützung und den stetigen Glauben an mich. Ohne deren Rückhalt wäre mir die Fertigstellung dieser Arbeit nicht gelungen.

